

Charakterisierung des Proteoms von *Ralstonia eutropha* H16 unter lithoautotrophen und anaeroben Bedingungen

Dissertation

zur Erlangung des akademischen Grades
doctor rerum naturalium
(Dr. rer. nat.)

im Fach Biologie
eingereicht an der
Lebenswissenschaftlichen Fakultät
der Humboldt-Universität zu Berlin

von

Dipl.-Biochem. Yvonne Kohlmann

Präsident der Humboldt-Universität zu Berlin
Prof. Dr. Jan-Hendrik Olbertz

Dekan der Lebenswissenschaftlichen Fakultät
Prof. Dr. Richard Lucius

Gutachter/innen: 1. Prof. Dr. Bärbel Friedrich
 2. Prof. Dr. Michael Hecker
 3. Prof. Dr. Erwin Schneider

Tag der mündlichen Prüfung: 15.04.2015

Diese Arbeit wurde unter Leitung von Frau Prof. Dr. Bärbel Friedrich am Institut für Biologie der Humboldt-Universität zu Berlin angefertigt.

Die Untersuchung wurde im Rahmen des Projekts der Initiative „Genomforschung an Mikroorganismen – GenoMik“ aus Mitteln des Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) gefördert.

Teile dieser Arbeit wurden bereits veröffentlicht:

- Y. Kohlmann**, A. Pohlmann, E. Schwartz, D. Zühlke, A. Otto, D. Albrecht, C. Grimmer, A. Ehrenreich, B. Voigt, D. Becher, M. Hecker, B. Friedrich und R. Cramm (2014). "Coping with Anoxia: A Comprehensive Proteomic and Transcriptomic Survey of Denitrification." J Proteome Res **13**(10): 4325-4338.
- Y. Kohlmann**, A. Pohlmann, A. Otto, D. Becher, R. Cramm, S. Lütte, E. Schwartz, M. Hecker und B. Friedrich (2011). "Analyses of Soluble and Membrane Proteomes of *Ralstonia eutropha* H16 Reveal Major Changes in the Protein Complement in Adaptation to Lithoautotrophy." J Proteome Res **10**(6): 2767-2776.

Aus früheren Arbeiten ging folgende Veröffentlichung hervor:

- Schwartz, E., B. Voigt, D. Zühlke, A. Pohlmann, O. Lenz, D. Albrecht, A. Schwarze, **Y. Kohlmann**, C. Krause, M. Hecker und B. Friedrich (2009). "A proteomic view of the facultatively chemolithoautotrophic lifestyle of *Ralstonia eutropha* H16." Proteomics **9**(22): 5132-5142.

"Les grandes choses ne sont pas accomplies par impulsion,
mais plutôt par une série de petites choses mises ensemble."

– Vincent van Gogh

Zusammenfassung

Das β -Proteobakterium *Ralstonia eutropha* H16 besitzt einen biotechnologisch vielversprechenden Metabolismus. Als fakultativ chemolithoautotropher Organismus ist es in der Lage, alternativ zu organischen Substraten, Wasserstoff und Kohlenstoffdioxid als einzige Energie- bzw. Kohlenstoffquelle zu nutzen. Unter anaeroben Bedingungen ist es zur Denitrifikation befähigt.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde das Proteinprofil von *R. eutropha* unter chemolithoautotrophen Bedingungen im Vergleich zum Wachstum auf Succinat sowie unter anaeroben im Vergleich zu aeroben Bedingungen untersucht. Gegenstand der Analyse waren das lösliche sowie das Membran-assoziierte Komplement der Zellen. Die Proteinidentifizierung wurde im Hochdurchsatz mittels GeLCMS durchgeführt.

Insgesamt konnten 2.387 Proteine identifiziert werden. Darunter befanden sich zahlreiche bislang hypothetische Proteine, deren Bildung erstmalig nachgewiesen wurde. Zur Proteinquantifizierung wurden unterschiedliche Methoden angewandt: Der quantitative Vergleich in der Studie zur chemolithoautotrophen Lebensweise erfolgte mittels metabolischer Markierung der Proteine durch ^{15}N , wohingegen die Untersuchung zum anaeroben Stoffwechsel auf der markierungsfreien Methode des *spectral counting*, dem Zählen der Peptidspektren, basierte.

Das Leben mit Wasserstoff und Kohlenstoffdioxid war durch ein erhöhtes Proteininventar gekennzeichnet. Neben der Induktion der Schlüsselenzyme des chemolithoautotrophen Stoffwechsels zur Wasserstoffoxidation und Kohlenstoffdioxidfixierung zeichneten sich weitere charakteristische Veränderungen im Proteom chemolithoautotroph gewachsener Zellen ab. (I) Cytochrom-Oxidasen präsentierten sich als präferierte terminale Oxidasen. (II) Die NAD(P)⁺-Transhydrogenasen und die Enzyme der Poly-(3)-hydroxybutyrat-Synthese wurden in erhöhten Mengen nachgewiesen. (III) Lithoautotroph gewachsene Zellen waren verstärkt mit Transportproteinen ausgestattet. (IV) Proteine der Zellfortbewegung waren abundant, wohingegen Proteine der Zelladhäsion in geringeren Mengen vorlagen. Weiterhin gab die Studie Hinweise auf die Expression der zwei im Wildtyp für die Cyanophycin-Synthetasen CphA und CphA' codierenden Gene.

Bezüglich der Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise konnte eine komplexe Umstrukturierung des Proteininventars dokumentiert werden. Die Enzyme der Denitrifikation wurden beim Wechsel von aerober zu anaerober Kultivierung stark hochreguliert. Eine grundlegende Veränderung der Enzymmengen innerhalb des Denitrifikationsverlaufs war hingegen nicht erkennbar. Distinkte Regulationsmuster

beim Vergleich anaerob vs. aerob zeigten die terminalen Oxidasen. So wurde die *cbb₃*-Cytochrom-Oxidase Cco anaerob hochreguliert. Zudem lagen die Fermentationsenzyme Lactat- und Alkohol-Dehydrogenase verstärkt vor. Innerhalb des zentralen Kohlenstoffmetabolismus stellten sich die Isoenzyme der Aconitase, Isocitrat-Dehydrogenase und Fumarase als differenziell reguliert heraus. Weitere Veränderungen waren im Ribonukleotid- und Poly-(3)-hydroxybutyrat-Metabolismus sowie der DNA- und Cofaktorbiosynthese zu verzeichnen. Zu den unter aeroben Bedingungen abundant vorliegenden Proteinen zählten Komponenten der Zellmotilität.

Beide Proteomstudien offenbarten, dass die Nutzung unterschiedlicher Elektronenakzeptoren bzw. -donoren mit zahlreichen Veränderungen im Proteinbestand der Zellen einhergeht. Hierbei war neben diversen metabolischen Prozessen auch die Morphologie der Zellen betroffen. Die Ergebnisse dieser Arbeit stellen im Vergleich zu vorangegangenen Studien den bisher umfassendsten Überblick zum Proteinbestand beim lithoautotrophen sowie anaeroben Wachstum in *R. eutropha* dar. Von besonderer Bedeutung war dabei das Einbinden der Analyse der Membran als Ort wichtiger Energie- und Transportprozesse. Verglichen mit anderen Proteomstudien von *R. eutropha* und dem nahe verwandten *Ralstonia metallidurans*, die sich auf die Analyse der löslichen Zellfraktion beschränken, zeigt die vorliegende Arbeit detaillierte Einblicke in das Membrankomplement des Organismus.

Besonderes Interesse galt dem unter lithoautotrophen Bedingungen verstärkt gebildeten Zweikomponentensystem H16_A1372/73. Sequenzvergleiche deckten Ähnlichkeiten zu dem Regulationssystem BphP/Q der Katabolitrepression des Biphenylabbaus in *Acidovorax* sp. KKS102 auf. Die Deletion des korrespondierenden Response-Regulator-Gens *h16_A1372* führte zum Verlust der Wachstumsfähigkeit auf Fructose. Dabei zeigte $\Delta h16_A1372$ in qRT-PCR-Analysen keine Transkripte des *frc*-Operons. In Anlehnung an die in *Acidovorax* identifizierte BphQ-Bindestelle vor den Genen des Biphenylabbaus konnte auch vor dem *frc*-Operon in *R. eutropha* eine potentielle H16_A1372-Bindestelle lokalisiert werden. Weiterhin waren verglichen zum Wildtyp H16 in $\Delta h16_A1372$ signifikante Wachstumsdefizite auf diversen heterotrophen Substraten sowie beim lithoautotrophen Wachstum zu verzeichnen. Eine DNA-Matrix-Suche ergab 28 putative Regulator-Bindestellen im Genom von *R. eutropha*. Basierend auf diesen Befunden ist eine globale Rolle des Zweikomponentensystems im Energie- und/oder Kohlenstoffmetabolismus von *R. eutropha* H16 anzunehmen, wonach eine Umbenennung der Histidin-Kinase in GloS und des Response Regulators in GloR vorgenommen wurde.

Inhalt

| | |
|---|-----------|
| Zusammenfassung..... | I |
| Abkürzungen..... | 1 |
| 1. Einleitung | 3 |
| 1.1 Das „Knallgas-Bakterium“ <i>Ralstonia eutropha</i> H16 | 3 |
| 1.1.1 Lithoautotrophie – H ₂ und CO ₂ als Energie- bzw. Kohlenstoffquelle..... | 5 |
| 1.1.2 Organoheterotrophie – Pyruvat und Succinat als bevorzugte Substrate | 7 |
| 1.1.3 Atmung – bei O ₂ -Mangel wird NO ₃ ⁻ zu N ₂ reduziert | 9 |
| 1.1.4 PHB – zellinterner Energie- und Kohlenstoffspeicher..... | 10 |
| 1.1.5 Biotechnologisches Potential eines Knallgas-Bakteriums | 11 |
| 1.2 Proteomik in der Mikrobiologie | 13 |
| 1.3 Zielsetzung | 19 |
| 2. Material und Methoden..... | 20 |
| 2.1 Organismen und Plasmide..... | 20 |
| 2.2 Kulturmedien und Nährböden | 20 |
| 2.3 Zellanzucht..... | 22 |
| 2.4 Zellernte..... | 23 |
| 2.5 Lagerung und Konservierung von Bakterienstämmen | 24 |
| 2.6 Probenanalytik..... | 24 |
| 2.6.1 Messung der optischen Dichte | 24 |
| 2.6.2 NO ₃ ⁻ -Bestimmung..... | 24 |
| 2.6.3 NO ₂ ⁻ -Bestimmung..... | 24 |
| 2.6.4 Bestimmung gasförmiger Denitrifikationsprodukte..... | 25 |
| 2.6.5 Immunblot | 25 |
| 2.6.6 Bestimmung der Hydrogenaseaktivität..... | 26 |
| 2.7 Standardtechniken für das Arbeiten mit DNA und RNA..... | 26 |
| 2.7.1 Behandlung von Geräten und Lösungen | 26 |
| 2.7.2 DNA-Isolierung..... | 27 |
| 2.7.2.1 Isolierung von Gesamt-DNA | 27 |
| 2.7.2.2 Plasmidpräparation..... | 27 |
| 2.7.3 Konzentrationsbestimmung von DNA- und RNA-Lösungen | 28 |
| 2.7.4 Agarose-Gelelektrophorese..... | 28 |
| 2.7.5 Extraktion von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen..... | 29 |
| 2.7.6 Enzymatische Modifikation von DNA..... | 29 |
| 2.7.6.1 DNA Restriktion und Ligation..... | 29 |
| 2.7.7 Polymerasekettenreaktion | 29 |

| | | |
|-----------|---|-----------|
| 2.7.8 | DNA-Sequenzierung..... | 30 |
| 2.7.9 | Plasmidtransfer..... | 30 |
| 2.7.9.1 | Transformation | 30 |
| 2.7.9.2 | Konjugation..... | 30 |
| 2.8 | Methoden der Proteomanalyse..... | 31 |
| 2.8.1 | Zellaufschluss und Gewinnung der löslichen und Membranfraktion | 31 |
| 2.8.2 | Bestimmung der Proteinkonzentration | 32 |
| 2.8.3 | 1D-GeLCMS | 33 |
| 2.8.4 | Datenaufbereitung..... | 34 |
| 2.9 | Methoden der Transkriptanalyse | 36 |
| 2.9.1 | Primer zur Transkriptanalyse mittels qRT-PCR | 36 |
| 2.9.2 | Zellaufschluss und RNA-Isolation..... | 36 |
| 2.9.3 | cDNA-Synthese mittels Reverser Transkriptase..... | 37 |
| 2.9.4 | qRT-PCR..... | 38 |
| 2.9.5 | Relative Quantifizierung..... | 39 |
| 2.9.6 | Effizienzkontrolle der Primer..... | 39 |
| 2.10 | Konstruktion einer <i>In-frame</i> -Deletion in <i>gloR</i> | 40 |
| 2.10.1 | Primer | 40 |
| 2.10.2 | Konstruktion von pCH1681 | 40 |
| 2.10.3 | Konjugation und homologe Rekombination..... | 42 |
| 2.11 | Vorhersage der Proteinlokalisierung | 42 |
| 2.12 | Weitere verwendete Softwareprogramme..... | 43 |
| 3. | Ergebnisse..... | 44 |
| 3.1 | Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise | 44 |
| 3.1.1 | Reproduzierbare Proteomdaten erfordern kontrollierte Kultivierungsbedingungen | 46 |
| 3.1.2 | Proteine mit mehr als zwei transmembranen Helices kommen ausschließlich in der Membranfraktion vor | 49 |
| 3.1.3 | H ₂ /CO ₂ -basiertes Wachstum bedarf eines erhöhten Proteininventars | 50 |
| 3.1.4 | Die drei Replikons haben unterschiedliche Expressionsaktivitäten..... | 52 |
| 3.1.5 | Proteine mit unbekannter Funktion stellen einen Großteil der vorliegenden Proteine dar | 53 |
| 3.1.6 | Die Enzyme der H ₂ -Oxidation und CO ₂ -Fixierung gehören zu den am stärksten hochregulierten Proteinen | 54 |
| 3.1.7 | Beim Leben mit H ₂ liegen Cytochrom-Oxidasen induziert vor | 56 |
| 3.1.8 | Die Enzyme zur Synthese von Speicherstoffen sind stark präsent..... | 56 |
| 3.1.9 | Die Aconitase-Isoenzyme werden divergent reguliert..... | 57 |

| | | |
|--------|--|----|
| 3.1.10 | Systeme zur Erhöhung der Zellmotilität sind hochreguliert..... | 58 |
| 3.1.11 | RpoD2 ist der Haushalts-Sigma-Faktor bei lithoautotropher Lebensweise..... | 58 |
| 3.1.12 | Beim Wachstum mit H ₂ /CO ₂ werden viele Transportsysteme gebildet..... | 59 |
| 3.1.13 | Das Zweikomponentensystem H16_A1372/73 besitzt ein bemerkenswertes Regulationsprofil | 60 |
| 3.2 | Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise | 62 |
| 3.2.1 | Sechs Erntepunkte sollen die Phasen der Denitrifikation abdecken | 62 |
| 3.2.2 | Über 600 Proteine zeigen eine <i>on/off</i> -Regulation..... | 63 |
| 3.2.3 | Die Denitrifikationsenzyme liegen abundant während des gesamten Denitrifikationsverlaufs vor..... | 65 |
| 3.2.4 | Anaerobe Bedingungen induzieren die Synthese der <i>cbb</i> ₃ -Typ- Cytochrom-Oxidase | 70 |
| 3.2.5 | In Abhängigkeit vom Elektronenakzeptor variiert die Menge der Isoenzyme des TCA-Zyklus..... | 71 |
| 3.2.6 | Die drei Ribonukleotid-Reduktasen zeigen distinkte Regulationsmuster..... | 72 |
| 3.2.7 | SAM-abhängige Enzyme sind anaerob hochreguliert..... | 72 |
| 3.2.8 | Anaerobe Bedingungen führen zum Verlust von Zellanhängseln..... | 73 |
| 3.2.9 | Die Phasine PhaP1 und PhaP2 liegen anaerob dominant vor..... | 73 |
| 3.2.10 | Die Enzyme des CBB-Zyklus sind unter denitrifizierenden Bedingungen stark reprimiert | 74 |
| 3.3 | Charakterisierung eines globalen Zweikomponentensystems | 75 |
| 3.3.1 | Die Histidin-Kinase verfügt über zwei transmembrane Regionen und eine PAS-Domäne | 75 |
| 3.3.2 | Hohe Sequenzähnlichkeit zum Regulationssystem BphP/Q der Katabolitrepession des Biphenylabbaus in <i>Acidovorax</i> sp. KKS102..... | 78 |
| 3.3.3 | GloR beeinflusst die Expression der Hydrogenasegene..... | 79 |
| 3.3.4 | <i>gloS/R</i> liegen in unmittelbarer Nähe zu den Genen des Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes | 82 |
| 3.3.5 | Der H ₂ -Effekt ist in <i>ΔgloR</i> nicht beeinflusst | 83 |
| 3.3.6 | Die Expression des <i>hut</i> -Operons ist in <i>ΔgloR</i> stark reduziert..... | 85 |
| 3.3.7 | Differenzielles Wachstum von <i>ΔgloR</i> auf Intermediaten des TCA- Zyklus und anderer C2- und C3-Verbindungen..... | 88 |
| 3.3.8 | GloR ist essentiell für das Wachstum auf Fructose | 89 |
| 3.3.9 | <i>ΔgloR</i> wächst nicht auf <i>N</i> -Acetylglucosamin | 90 |
| 3.3.10 | Vor <i>frcR</i> liegt eine potentielle GloR-Bindestelle | 91 |
| 3.3.11 | <i>In-silico</i> -Analyse gibt Hinweise zum Umfang des GloR-Regulons | 92 |

| | |
|--|------------|
| 4. Diskussion..... | 94 |
| 4.1 Hochdurchsatz-Proteomik zur Studie mikrobieller Systeme | 94 |
| 4.2 Das Proteom H ₂ -oxidierender Bakterien | 99 |
| 4.2.1 H ₂ als Energiequelle für das autotrophe Wachstum..... | 99 |
| 4.2.2 Während der H ₂ -Oxidation werden Cytochrom-Oxidasen als terminale Oxidasen präferiert..... | 100 |
| 4.2.3 Die Aktivität der Hydrogenasen hat signifikanten Einfluss auf das Proteinprofil lithoautotroph wachsender Zellen..... | 101 |
| 4.2.4 Der TCA-Zyklus besitzt anabolische Funktion..... | 104 |
| 4.2.5 Abschließende Betrachtung zum H ₂ /CO ₂ -basierten Proteom..... | 106 |
| 4.3 Das Proteom denitrifizierender Bakterien..... | 108 |
| 4.3.1 Optimierung des Energiehaushalts durch Anpassung der Atmungskette..... | 108 |
| 4.3.2 Metabolische Funktionen dienen der Redoxbalance | 112 |
| 4.3.3 Die toxische Wirkung von O ₂ und NO beeinflusst das Proteinprofil anaerob lebender Zellen..... | 114 |
| 4.3.4 Alternative Stoffwechselwege substituieren O ₂ -abhängige Reaktionen .. | 115 |
| 4.3.5 Der zentrale Kohlenstoffmetabolismus steht mit der ADH und LDH in Konkurrenz um Metabolite | 116 |
| 4.3.6 Zellform und -struktur stehen unter dem Einfluss der O ₂ - Verfügbarkeit | 117 |
| 4.3.7 Abschließende Betrachtung zum Proteom denitrifizierender <i>R.-</i> <i>eutropha</i> -Zellen..... | 118 |
| 4.4 <i>R. eutropha</i> H16 besitzt zwei Typ-VI-Sekretionssysteme..... | 120 |
| 4.5 Der pleiotrope Effekt einer <i>gloR</i> -Deletion in <i>R. eutropha</i> | 122 |
| 4.5.1 PTS-abhängige und -unabhängige Regulationssysteme der Katabolitkontrolle..... | 122 |
| 4.5.2 GloR und die H ₂ -basierte Lebensweise..... | 123 |
| 4.5.3 Die duale Kontrolle des <i>frc</i> - und <i>nag</i> -Operons..... | 124 |
| 4.5.4 GloR als globaler Regulator der Verwertung alternativer Kohlenstoff- und Energiequellen | 127 |
| 4.6 Ausblick..... | 133 |
| 5. Anhang | 136 |
| 5.1 Abbildungen | 136 |
| 5.2 Tabellen..... | 146 |
| 6. Literatur..... | 222 |

Abkürzungen

| | |
|---------------|---|
| 1D | eindimensional |
| 2D | zweidimensional |
| A. bidest. | bidestilliertes Wasser |
| ad | auffüllen auf |
| AH | actinobakterielle Hydrogenase |
| Ap | Ampicillin |
| ATCC | <i>American type culture collection</i> |
| ATP | Adenosintriphosphat |
| bp | Basenpaare |
| cAMP | zyklisches Adenosinmonophosphat |
| CBB-Zyklus | Calvin-Benson-Bassham-Zyklus |
| CCD | <i>charge-coupled device</i> |
| CDD | konservierte Domänen-Datenbank, <i>conserved domain database for the</i> |
| CDS | codierende Sequenzen |
| CRP | cAMP-Rezeptorprotein |
| DDA | <i>data dependent acquisition</i> |
| DEPC | Diethylpyrocarbonat |
| DNA | Desoxyribonukleinsäure, <i>deoxyribonucleic acid</i> |
| DSM | Deutsche Sammlung von Mikroorganismen |
| EDTA | Ethylendiamintetraacetat |
| ESI | Elektrosprayionisation |
| FAD | Flavinadenindinukleotid |
| FMN | Flavinmononukleotid |
| FNR | <i>fumarate and nitrate reduction regulator</i> |
| GRAVY | <i>grand average of hydropathicity</i> |
| HTH | Helix-Turn-Helix |
| KDPG | 2-Keto-3-desoxy-6-phosphogluconat |
| LA | Anzucht mit H ₂ /CO ₂ als einzige Energie- bzw. Kohlenstoffquelle |
| LC | Flüssigkeitschromatographie, <i>liquid chromatography</i> |
| LiDS | Lithiumdodecylsulfat |
| M | molare Masse |
| MALDI | Matrix-unterstützte Laserdesorption-Ionisation, <i>matrix-assisted laser</i> |
| MBH | membranebundene Hydrogenase |
| MCP | <i>methyl-accepting chemotactic protein</i> |
| MCS | multiple Klonierungsstelle, <i>multiple cloning site</i> |
| MFS | <i>Major-Facilitator-Superfamilie</i> |
| MS bzw. MS/MS | Massenspektrometrie bzw. Tandem-Massenspektrometrie |

| | |
|---------|--|
| MudPIT | multidimensionale Proteinidentifizierungstechnologie |
| MW | molekulare Masse, <i>molecular weight</i> |
| NAD(P)H | Nicotinamidadenindinukleotid (-phosphat) |
| NAP | periplasmatische NO ₃ ⁻ -Reduktase |
| NAR | membrangebundene, Chinol-oxidierende NO ₃ ⁻ -Reduktase |
| NAS | assimilatorische NO ₃ ⁻ -Reduktase |
| NIR | NO ₂ ⁻ -Reduktase |
| NOR | NO-Reduktase |
| NOS | N ₂ O-Reduktase |
| NSC | Normalisierte Spektrenzahl, <i>normalized spectral count</i> |
| ODx | optische Dichte bei der Wellenlänge x in nm |
| ORF | offener Leserahmen, <i>open reading frame</i> |
| PAGE | Polyacrylamidgelelektrophorese |
| PAS | Per/Arnt/Sim |
| PCR | Polymerasekettenreaktion, <i>polymerase chain reaction</i> |
| PDH | Pyruvat-Dehydrogenase-Komplex |
| PEP | Phosphoenolpyruvat |
| PHA | Polyhydroxyalkanoat |
| PHB | Polyhydroxybutyrat |
| pI | isoelektrischer Punkt |
| PMSF | Phenylmethylsulfonylfluorid |
| ProOpDB | <i>Prokaryotic Operon DataBase</i> |
| PTM | posttranslationale Modifikation |
| PTS | Phosphotransferasesystem |
| qRT-PCR | <i>quantitative reverse transcription PCR</i> |
| r | resistent |
| R | Verhältnis, <i>ratio</i> |
| RH | regulatorische Hydrogenase |
| rpm | Umdrehungen pro Minute, <i>rounds per minute</i> |
| ROK | Repressor-ORF-Kinase |
| RuBisCO | Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase/-Oxygenase |
| SAM | S-Adenosylmethionin |
| SDS | Natriumdodecylsulfat, <i>sodium dodecyl sulfate</i> |
| SH | lösliche Hydrogenase, <i>soluble hydrogenase</i> |
| SN | Anzucht mit Succinat als einzige Energie- und Kohlenstoffquelle |
| Tc | Tetracyclin |
| TCA | Tricarbonsäure, <i>tricarboxylic acid</i> |
| TMH(s) | Transmembranhelix bzw. Transmembranhelices |
| Tris | Tris(hydroxymethyl)-aminomethan |

1. Einleitung

Die drohende Erschöpfung fossiler Ressourcen, der zunehmende Nahrungsmittel- und Energiebedarf sowie die stetige Schadstoffbelastung unserer Umwelt gehören zu den gesellschaftlich und wirtschaftlich relevanten Themen der heutigen Zeit. Mikroorganismen bergen ein großes Potential, diesen Herausforderungen zu begegnen. Mit einer Evolutionsgeschichte von 3,5 Milliarden Jahren sind sie Spezialisten in Hinblick auf alternative Überlebensstrategien (Cavalier-Smith, 2006; Altermann & Kazmierczak, 2003). Viele von ihnen zeichnen sich durch außergewöhnliche stoffwechselphysiologische Leistungen aus und stellen bezüglich möglicher biobasierter Lösungsansätze zur Etablierung einer energie- und ressourcenschonenden Wirtschaft der Zukunft interessante Forschungsobjekte für die Biotechnologie dar.

In diesem Zusammenhang macht die mikrobielle Nutzung von molekularem Wasserstoff (H_2) als potentieller Energieträger der Zukunft auf sich aufmerksam. Aufgrund seines niedrigen Redoxpotentials ($H_2/2H^+$, $E^0 = -0,41\text{ V}$) gestattet er die Reduktion der gesamten Bandbreite biologischer Elektronenakzeptoren und stellt damit eine attraktive Energiequelle für Mikroorganismen dar. H_2 kommt in geringen Mengen in der Erdatmosphäre, in vulkanischen Gasen und als Begleitstoff von Erdgas vor. Hauptsächlich entsteht er bei geochemischen Prozessen, wird aber auch als Nebenprodukt der Stickstofffixierung und als Endprodukt der mikrobiellen Gärung in anaeroben Habitaten freigesetzt (Palacios *et al.*, 2005; Tamagnini *et al.*, 2002). Dort wird H_2 durch anaerobe Bakterien wie Methanogene, Acetogene oder Sulfatreduzenten rasch wieder verwertet. Nur geringe Mengen erreichen aerobe Zonen, wo sie von der phylogenetisch diversen Gruppe der „Knallgas-Bakterien“ oxidiert werden können (Franck *et al.*, 2008; Vignais & Billoud, 2007; Conrad, 1996). Die Gruppe umfasst Vertreter der Gattungen *Alcaligenes*, *Ralstonia*, *Pseudomonas*, *Xantobacter* und *Rhodococcus*.

1.1 Das „Knallgas-Bakterium“ *Ralstonia eutropha* H16

R. eutropha H16 gilt als Modellorganismus der Knallgas-Bakterien (Schwartz *et al.*, 2013; Cramm, 2009). Neben der aeroben H_2 -Oxidation ist das β -Proteobakterium wie die meisten Knallgas-Bakterien in der Lage, Kohlenstoffdioxid (CO_2) zu fixieren sowie alternativ organische Substrate zu verwerten. Es handelt sich um ein fakultativ chemolithoautotrophes Bakterium. Weiterhin zeichnet sich der erstmals in den 60er Jahren beschriebene Boden- und Frischwasserorganismus durch seine Fähigkeit aus, unter anaeroben Bedingungen mit Nitrat (NO_3^-) und Nitrit (NO_2^-) als alternative

Elektronenakzeptoren zu wachsen sowie große Mengen an Polyhydroxybutyrat (PHB) als Energiespeicher zu synthetisieren (siehe Abbildung 1) (Aragno & Schlegel, 1992; Wilde, 1962; Schlegel *et al.*, 1961b). Letzteres ist in Hinblick auf die Verwendung von PHB als Ersatzstoff für petrochemisch erzeugte Kunststoffe von besonderem biotechnologischen Interesse.

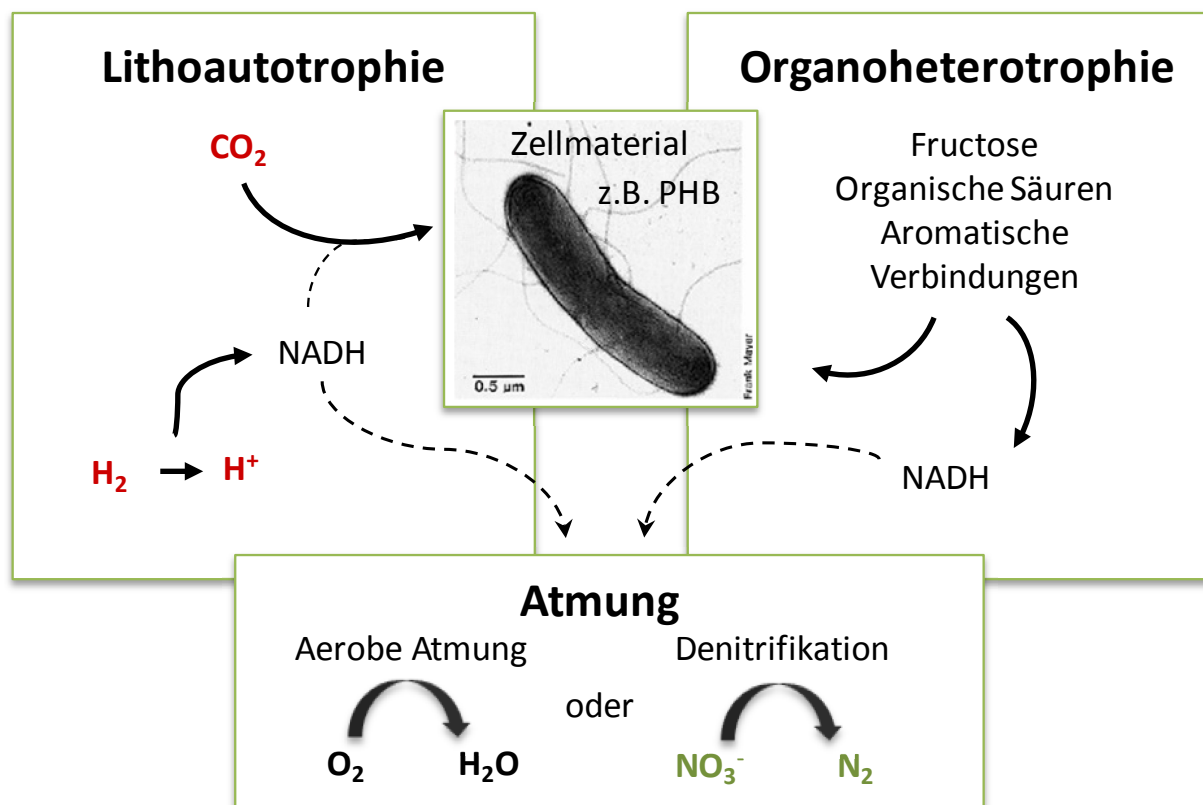


Abbildung 1 Schematische Darstellung des lithoautotrophen und organoheterotrophen Metabolismus von *R. eutropha* H16. Der Organismus ist in der Lage, auf einer Vielzahl von organischen Substraten mit Sauerstoff (O_2) als terminalen Elektronenakzeptor zu wachsen. Unter anaeroben Bedingungen wird NO_3^- im Zuge der Denitrifikation veratmet. Sind keine organischen Substrate verfügbar, kann H_2 als Energiequelle dienen. Die bei der H_2 -Oxidation freiwerdenden Reduktionsäquivalente werden zur Fixierung von CO_2 genutzt. Die direkte Kopplung von Elektronendonator und Atmungskette, katalysiert durch membrangebundene Enzyme, wurde zugunsten der Übersichtlichkeit nicht dargestellt. Angaben sind nicht stöchiometrisch. Bildausschnitt: transmissionselektronenmikroskopische Aufnahme von *R. eutropha*, entnommen aus Brock, *Biology of Microorganisms*, 2003, Pearson Education, Inc, Seite 364.

Grundlegend für die biotechnologische Nutzung von Mikroorganismen ist der Zugang zur vollständigen Genomsequenz. Für *R. eutropha* H16 sind die Sequenzier- und Annotationsarbeiten seit 2006 abgeschlossen (Pohlmann *et al.*, 2006; Schwartz *et al.*, 2003). Das Genom, bestehend aus drei zirkulären Replikons, dem Chromosom 1

(4.052.032 bp), dem Chromosom 2 (2.912.490 bp) und dem Megaplasmid pHG1 (452.156 bp), besitzt eine Größe von 7,42 Mbp und trägt insgesamt 6.626 Gene. Damit steht *R. eutropha* im Vergleich zu anderen Proteobakterien eine hohe Anzahl genetischer Informationen zur Verfügung (Cramm, 2009). Sie spiegelt die metabolische Vielfalt des Organismus wider, die sich neben der Fähigkeit zur PHB-Speicherung sowie zur lithoautotrophen und anaeroben Lebensweise auch aus dem Potential, eine Vielzahl heterotropher Substrate zu verwerten, ergibt.

Wohingegen die Funktionen des Grundstoffwechsels vorwiegend durch Chromosom 1 codiert werden, sind die Gene alternativer Stoffwechselwege grundsätzlich dem Chromosom 2 und dem Megaplasmid pHG1 zuzuordnen (Fricke *et al.*, 2009).

1.1.1 Lithoautotrophie – H₂ und CO₂ als Energie- bzw. Kohlenstoffquelle

Ein weiteres Merkmal des Genoms von *R. eutropha* ist das Vorliegen redundanter genetischer Informationen. Bezüglich des lithoautotrophen Stoffwechsels liegen zum Beispiel die Gene der CO₂-Fixierung über den reduktiven Pentose-Phosphat-Zyklus (auch Calvin-Benson-Bassham (CBB)-Zyklus) mit je einer Kopie auf Chromosom 2 und pHG1 dupliziert vor (Greening & Cook, 2014; Kusian *et al.*, 1995).

Für die reversible Spaltung von H₂ nach der Gleichung $\text{H}_2 \leftrightarrow 2 \text{H}^+ + 2 \text{e}^-$ stehen dem Organismus hingegen mindestens drei, jedoch strukturell und funktionell distinkte Enzyme zur Verfügung: eine membrangebundene (MBH), eine lösliche (SH) und eine regulatorische (RH) Hydrogenase vom [NiFe]-Typ. Erst kürzlich wurde für *R. eutropha* eine vierte, unter der Gruppe der Actinobakterien weit verbreitete Hydrogenase (AH) beschrieben (Schäfer *et al.*, 2013). Ihre Bedeutung für das chemolithoautotrophe Wachstum ist bislang unklar. Der Aufbau der MBH, SH und RH und die genetische Organisation der zugehörigen Gene sind in Abbildung 2 schematisch dargestellt.

Die MBH ist ein dimeres Enzym (HoxGK), welches in das Periplasma reicht und über die Cytochrom-*b*-Untereinheit HoxZ in der Membran verankert ist (Radu *et al.*, 2014; Bernhard *et al.*, 1996; Kortlüke *et al.*, 1992). Sie leitet die bei der H₂-Oxidation freiwerdenden Elektronen direkt über den Chinolpool in die Elektronentransportkette weiter (Fritsch *et al.*, 2011). An deren Ende wird Sauerstoff (O₂) reduziert und der während des Elektronentransports parallel aufgebaute Protonengradient an der Membran für die ATP-Synthese genutzt (Walker, 2013; Schink & Schlegel, 1979).

Die SH koppelt die H₂-Oxidation an die Reduktion von NAD⁺ zu NADH (Fritsch *et al.*, 2013; Schneider & Schlegel, 1976), das zum Aufbau von Zellmasse durch CO₂-Fixierung benötigt wird.

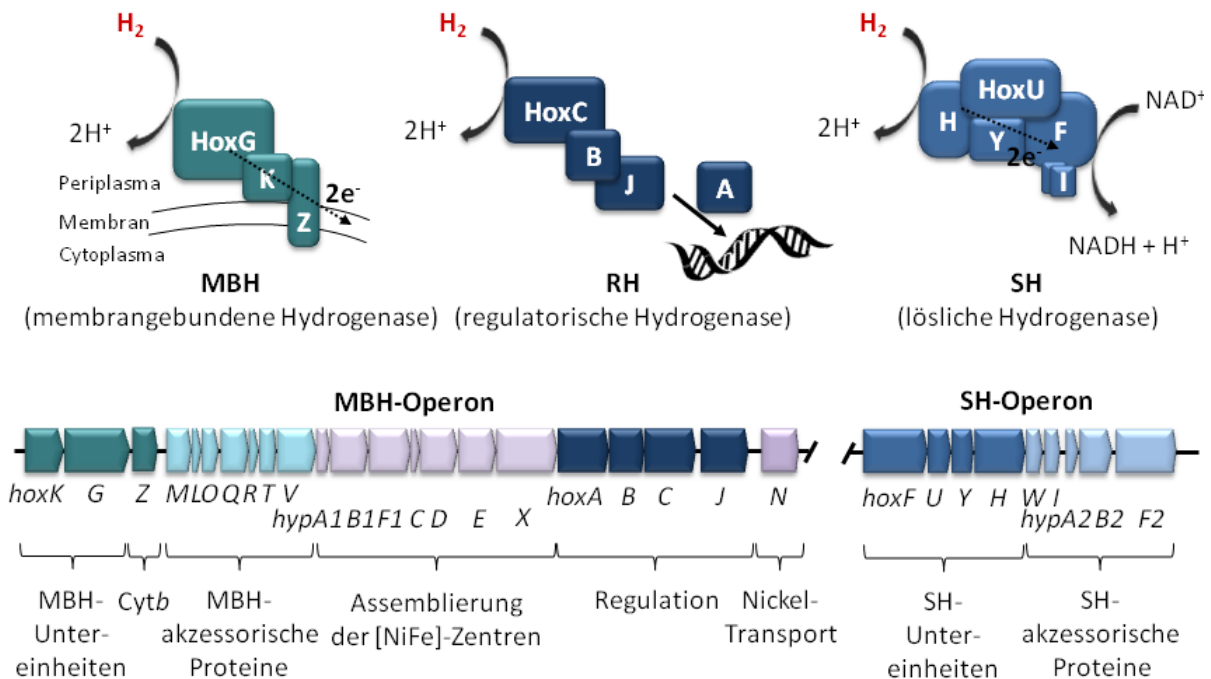


Abbildung 2 Aufbau der drei Hydrogenasen MBH, RH und SH von *R. eutropha* H16 sowie der genetischen Organisation des MBH- und SH-Operons. Schematische Darstellung nach Burgdorf *et al.* (2005). Die RH (HoxBC) ist als sensorischer Komplex zusammen mit der Histidin-Kinase des Zweikomponentensystems HoxA/J dargestellt (Buhrke *et al.*, 2004). Die bislang physiologisch wenig charakterisierte vierte [NiFe]-Hydrogenase (AH) von *R. eutropha* H16 findet in dieser Abbildung keine Berücksichtigung.

Den beiden maturen Hydrogenasen geht ein komplexer Reifungsprozess voraus (Fritsch *et al.*, 2014). Hierbei sind die pleiotropen Hyp-Proteine, die sowohl für die Synthese der MBH als auch der SH eine Rolle spielen, sowie die MBH-spezifischen akzessorischen Proteine (HoxLOQRTV) von Bedeutung (Lenz *et al.*, 2010).

Die Gene der H_2 -Oxidation und Hydrogenasematuration liegen auf pHG1 gekoppelt im MBH- und SH-Operon vor (Schwartz *et al.*, 2003). Stromabwärts des MBH-Operons schließt sich das Gen für einen hochaffinen, energieabhängigen Nickeltransporter an (Eitinger & Mandrand-Berthelot, 2000). Die Gene sind Teil eines Regulons, deren Expression dem alternativen Sigma-Faktor σ^{54} und dem Response Regulator HoxA unterliegt (Warrelmann *et al.*, 1992). Die zugehörige Histidin-Kinase HoxJ ist an einen HoxBC-Komplex gebunden (Buhrke *et al.*, 2004). Hierbei handelt es sich um die nicht-energiekonservierende regulatorische Hydrogenase RH, deren Funktion in der H_2 -Sensierung im Zuge einer H_2 -abhängigen Regulation der Hydrogenase-Genexpression besteht (Lenz *et al.*, 2002).

Im *R. eutropha*-Wildtyp H16 allerdings ist die strikte Abhängigkeit von H_2 durch die Punktmutation eines konservierten Glycinrests in der Histidin-Kinase HoxJ aufgehoben (Lenz & Friedrich, 1998; Friedrich *et al.*, 1981). Eine Abhängigkeit der Hydrogenase-

Genexpression kann jedoch vom globalen Energiestatus der Zelle beobachtet werden: Bei gleichzeitiger Anwesenheit von H_2 und einer präferierten Kohlenstoffquelle wird die Hydrogenase-Synthese unterdrückt und allein die präferierte Kohlenstoffquelle verwertet (Lenz & Friedrich, 1998; Schwartz *et al.*, 1998; Friedrich, 1982). Diese Katabolitrepresion ist, anders als das gut untersuchte System in *Escherichia coli* und *Bacillus subtilis*, bislang wenig verstanden (Görke & Stülke, 2008; Lenz & Friedrich, 1998).

1.1.2 Organoheterotrophie – Pyruvat und Succinat als bevorzugte Substrate

Zu den bevorzugten organischen Substraten zählen Pyruvat und Succinat (Schwartz *et al.*, 1998; Friedrich, 1982). Neben weiteren organischen Säuren wie Gluconat, Acetat, Citrat und Formiat können auch Fettsäuren, Alkohole und aromatische Verbindungen wie Benzol, Phenol und Hydroxybenzoesäure als Kohlenstoff- und Energiequellen von *R. eutropha* genutzt werden (Bowien & Kusian, 2002; Bowien & Schlegel, 1981).

Die Verwertung von Hexosen und Pentosen ist jedoch auf Fructose und *N*-Acetylglucosamin begrenzt (Kerstens & De Ley, 1984; Johnson & Stanier, 1971). Sie werden, wie auch Gluconat, über den Entner-Doudoroff-Weg abgebaut (Blackkolb & Schlegel, 1968; Gottschalk *et al.*, 1964). Die Verwertung über den Embden-Meyerhof-Parnas- oder den oxidativen Pentose-Phosphat-Weg hingegen ist aufgrund der fehlenden genetischen Ausstattung für die beiden Schlüsselenzyme Phosphofructokinase und 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase nicht möglich (Pohlmann *et al.*, 2006; Gottschalk *et al.*, 1964).

Der Transport von Fructose wird höchstwahrscheinlich über einen ABC-Transporter der CUT2-Familie (FrcACB) gewährleistet, wohingegen die Aufnahme von *N*-Acetylglucosamin durch ein Phosphotransferasesystem (PTS) vermittelt wird (Krauß *et al.*, 2009; Pohlmann *et al.*, 2006). Für Glucose liegt kein geeigneter Transporter im Genom codiert vor (Pohlmann *et al.*, 2006). So ist es zu erklären, dass *R. eutropha* nicht imstande ist, auf Glucose zu wachsen, obwohl alle nötigen Enzyme für den Abbau über den Entner-Doudoroff-Weg vorhanden sind (Pohlmann *et al.*, 2006; König *et al.*, 1969). Ein Überblick zu den Komponenten, die beim Abbau von Fructose, *N*-Acetylglucosamin und Gluconat über den Entner-Doudoroff-Weg beteiligt sind, findet sich in .

Charakteristisch für den Entner-Doudoroff-Weg ist das Zwischenprodukt 2-Keto-3-desoxy-6-phosphogluconat (KDPG). Es wird aus 6-Phosphogluconat durch die 6-Phosphogluconat-Dehydratase gebildet und im Anschluss durch eine Aldolase in

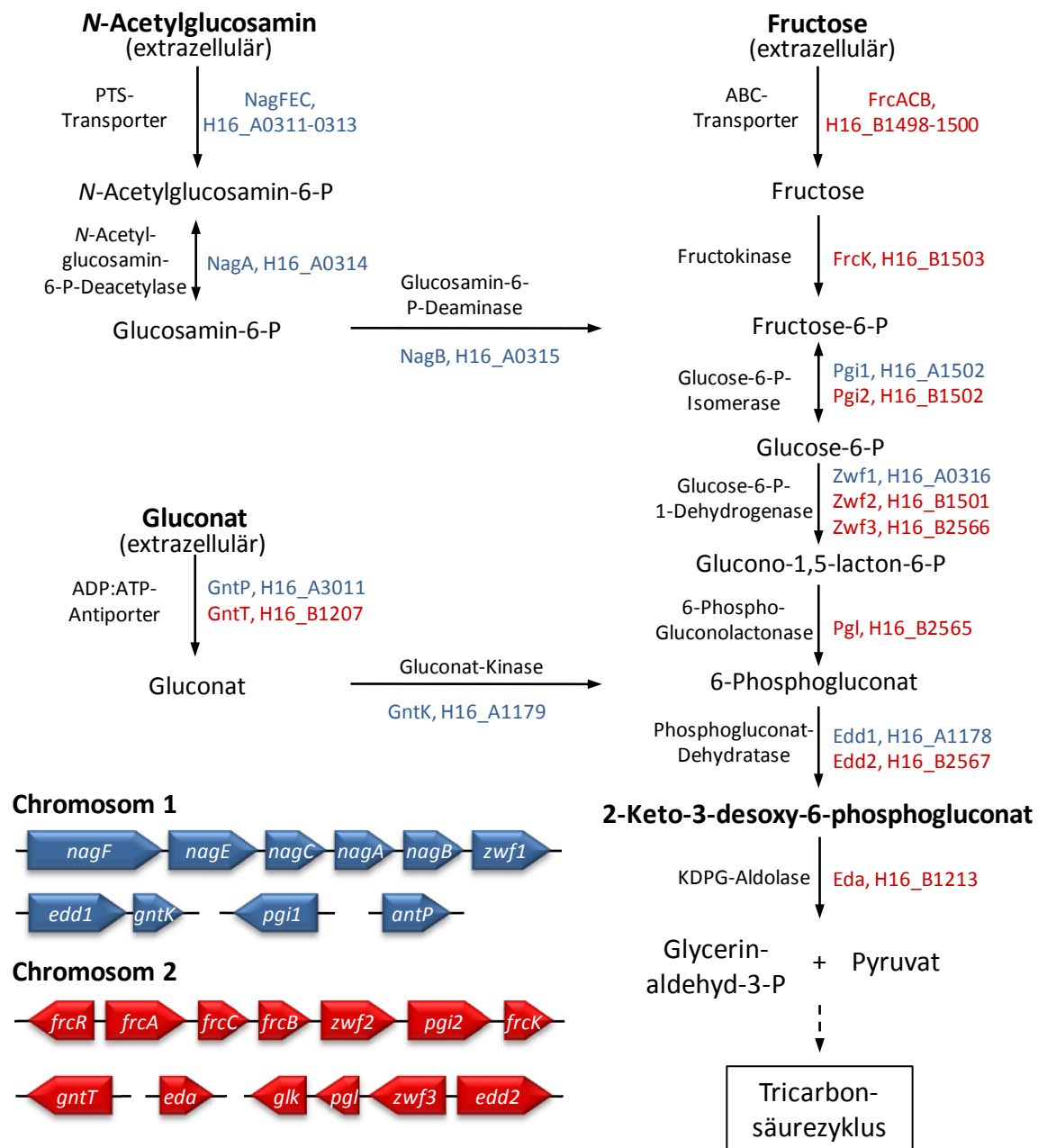


Abbildung 3 Abbau von Fructose, N-Acetylglucosamin und Gluconat über den Entner-Doudoroff-Weg. Den beteiligten Enzymen und Transportern ist der Kurzname und LocusTag zugeordnet. Blau hervorgehobene Proteine sind auf dem Chromosom 1 codiert. Die Gene rot markierter Proteine liegen auf Chromosom 2. Abbildung nach Pohlmann *et al.* (2006). Abkürzung: P, Phosphat.

Pyruvat und Glycerinaldehyd-3-phosphat gespalten. Letzteres wird analog zum Embden-Meyerhof-Parnas-Weg zu Pyruvat umgesetzt und kann nach oxidativer Decarboxylierung im Tricarbonsäure-Zyklus (TCA-Zyklus) vollständig oxidiert werden. Dabei wird im Gegensatz zum Embden-Meyerhof-Parnas-Weg nur ein Molekül ATP generiert.

Der Entner-Doudoroff-Weg findet sich vorwiegend in der phylogenetischen Domäne der Eubakterien, meist in aeroben aber auch anaeroben, respiratorischen Organismen, wieder (Conway, 1992). Mit seiner geringen ATP-Ausbeute wird er zu den ursprünglichen Hexose-Abbauwegen gezählt und deutet auf einen Energiehaushalt hin, der anstelle der Substratstufenphosphorylierung eher auf die ATP-Synthese durch Elektronentransport-Phosphorylierung ausgerichtet ist (Romano & Conway, 1996).

1.1.3 Atmung – bei O₂-Mangel wird NO₃⁻ zu N₂ reduziert

In dem strikt respiratorischen Organismus *R. eutropha* wird diese Präferenz durch eine breite Palette an im Genom codierten Atmungskettenkomponenten unterstrichen (Pohlmann *et al.*, 2006). Für die aerobe Atmung kann der Organismus auf insgesamt acht distinkte terminale Oxidasen zurückgreifen. Eine *aa₃*-Typ-Oxidase (Cta), eine *cbb₃*-Typ-Oxidase (Cco) sowie eine *bb₃*-Typ-Oxidase (Cox) werden durch die Gencluster *cta*, *cco* und *cox* codiert. Hierbei handelt es sich um Cytochrom-Oxidasen. Die verbleibenden fünf terminalen Oxidasen gehören den Chinol-Oxidasen an und umfassen drei *bo₃*-Typ-Oxidasen (Cyo1, Cyo2 und Cyo3) und zwei *bd*-Typ-Oxidasen (Cyd1 und Cyd2).

Unter O₂-limitierten Bedingungen ist *R. eutropha* in der Lage, NO₃⁻ und NO₂⁻ als terminale Elektronenakzeptoren für die anaerobe Atmung zu nutzen (Pfitzner & Schlegel, 1973). Die vollständige Umsetzung über Stickstoffmonoxid (NO) und Distickstoffmonoxid (N₂O) bis hin zu molekularem Stickstoff (N₂) wird Denitrifikation genannt und schließt die Aktivität von vier spezifischen Oxidoreduktasen ein (Zumft, 1997).

Die NO₃⁻-Reduktase (NAR) ist ein Heterodimer bestehend aus den drei Untereinheiten NarG, NarH und NarI. Die Gene liegen dupliziert im *narK1K2G1H1I1*-Operon auf pHG1 sowie im *narK3K4G2H2I2*-Operon auf Chromosom 2 vor (Pohlmann *et al.*, 2006; Schwartz *et al.*, 2003). Die Genexpression unterliegt vermutlich der Regulation durch das Zweikomponentensystem NarX/L (Stewart, 1994). NAR ist ein membrangebundenes Enzym, das durch die NarG-Untereinheit auf der cytoplasmatischen Seite die Reduktion von NO₃⁻ zu NO₂⁻ katalysiert. Vermutlich codieren die zwei *narK*-Gene eines jeden Operons, *narK1K2* und *narK3K4*, für zwei voneinander unabhängige NO₃⁻/NO₂⁻-Transporter, wobei NarK1 und NarK3 als NO₃⁻/NO₂⁻-Antiporter und NarK2 und NarK4 als NO₃⁻/H⁺-Symporter fungieren (Schwartz *et al.*, 2003; Wood *et al.*, 2002; Moir & Wood, 2001). Dies gewährleistet einerseits die Nachlieferung von neuem Substrat für die NO₃⁻-Reduktase und andererseits den raschen Ausschluss des giftigen NO₂⁻ aus der Zelle.

Der zweite Schritt der Denitrifikation wird durch die periplasmatisch lokalisierte NO_2^- -Reduktase (NIR) katalysiert (Rees *et al.*, 1997). Sie gehört der Gruppe der Cytochrom-*cd*₁-Typ- NO_2^- -Reduktasen an. Das entsprechende Gen *nirS* liegt auf Chromosom 2 vor (Pohlmann *et al.*, 2006). In unmittelbarer Nähe befinden sich die Gene der *d*₁-Häm-Cofaktor-Biosynthese (*nirF*, -*D*, -*G*, -*H*, -*J*, -*N* und -*E*) sowie ein Cytochrom-*c*-codierendes Gen (*nirC*), dessen Produkt als putativer Elektronendonator für die NO_2^- -Reduktion fungiert (Pohlmann *et al.*, 2006). Als Produkt entsteht das hochgiftige Molekül NO. Unter aeroben Bedingungen kann NO durch die NO-Dioxygenase-Funktion von Flavohämoglobinen zu NO_3^- umgesetzt werden (Gardner *et al.*, 1998b). Erste Beschreibungen dieser Aktivität in Bakterien gehen auf Untersuchungen in *R. eutropha* zurück und konnten später dem Flavohämoprotein Fhp zugeschrieben werden (Cramm *et al.*, 1994; Probst *et al.*, 1979; Probst & Schlegel, 1976).

Im Zuge der Denitrifikation wird NO durch die membrangebundene NO-Reduktase (NOR) zu N_2O reduziert (Pohlmann *et al.*, 2000). Die NOR aus *R. eutropha* gehört zu einer Gruppe von NO-Reduktasen, die nur aus einer Untereinheit bestehen und Chinol als Elektronendonator nutzen (Cramm *et al.*, 1999). Das Strukturgen *norB* liegt in zwei Kopien gemeinsam mit den Genen *norA* und *norR* auf Chromosom 2 bzw. dem Megaplasmid pHG1 vor (Busch *et al.*, 2005). Das Gen *norA* codiert für ein Protein mit bisher unbekannter Funktion und wird mit *norB* cotranskribiert (Cramm & Strube, 2008; Strube *et al.*, 2007). NorR ist der NO-abhängige Transkriptionsaktivator des *norAB*-Operons (Cramm *et al.*, 2006).

Der letzte Schritt der Denitrifikation wird durch die N_2O -Reduktase (NOS) katalysiert. Biochemische Daten basieren vorwiegend auf Untersuchungen in *Pseudomonas* und *Paracoccus* (Zumft, 2005; Wunsch *et al.*, 2003). Danach ist NOS ein Metalloprotein, das ein Cu_A - sowie ein ungewöhnliches Cu_Z -Zentrum trägt (Rasmussen *et al.*, 2000). In *R. eutropha* wird NOS durch das Strukturgen *nosZ* codiert (Zumft *et al.*, 1992). In unmittelbarer Nähe liegen sechs weitere Gene (*nosL*, -*Y*, -*F*, -*D*, -*R*, -*X*) (Schwartz *et al.*, 2003). NosR gilt als Regulatorprotein und ist essentiell für die Expression der N_2O -Reduktasegene (Wunsch & Zumft, 2005). NosL und NosX sowie der ABC-Transporter NosDFY sind vermutlich an der Biosynthese des Cu_Z -Zentrums und dessen Transport ins Periplasma beteiligt (Pauleta *et al.*, 2013; Cramm, 2009).

1.1.4 PHB – zellinterner Energie- und Kohlenstoffspeicher

Wachstumslimitierende Bedingungen wie O_2 -, aber auch Stickstoff- oder Phosphatlimitation induzieren in *R. eutropha* wie auch in anderen Bakterien die

Synthese und Speicherung von Polyhydroxyalkanoaten (PHA) (Steinbüchel & Fuchtenbusch, 1998). Als Energie- und Kohlenstoffspeicher können sie in Form von wasserunlöslichen Einschlüssen, den Granula, über 90 % der Gesamttrockenmasse einer Zelle ausmachen (Obruca *et al.*, 2014; Steinbüchel & Lütke-Eversloh, 2003). Polyhydroxybutyrat (PHB), ein lineares Polyester, aufgebaut aus 3-Hydroxybutyrat-Einheiten, ist die häufigste Form und das am besten untersuchte PHA (Rathore, 2014; Sudesh *et al.*, 2000).

Die PHB-Biosynthese wird durch das *pha*-Operon vermittelt, in dem die β -Ketothiolase (*phaA*), eine NADPH-abhängige β -Ketoacyl-CoA-Reduktase (*phaB*) und die PHA-Synthase (*phaC*) codiert vorliegen (Schubert *et al.*, 1991; Peoples & Sinskey, 1989). Durch PhaA werden zwei Moleküle Acetyl-CoA zu Acetoacetyl-CoA umgesetzt. PhaB reduziert dieses anschließend zu R-3-Hydroxybutyryl-CoA, welches durch PhaC zu PHB polymerisiert wird. Für die PHB-Speicherung sind weitere Proteine, sogenannte Phasine (PhaP1-4) von Bedeutung. Durch hydrophile oder amphiphile Domänen sind sie den PHB-Granula aufgelagert und wirken somit stabilisierend (Wieczorek *et al.*, 1995). Der schrittweise PHB-Abbau wird durch die PHB-Depolymerase PhaZ und PHB-Oligomer-Hydrolase PhaY katalysiert (Sznajder & Jendrossek, 2014; Uchino *et al.*, 2007).

1.1.5 Biotechnologisches Potential eines Knallgas-Bakteriums

Aufgrund der vielfältig metabolischen und nicht-pathogenen Eigenschaften sowie der genetischen Manipulierbarkeit eignet sich *R. eutropha* als vergleichsweise schnellwachsender Organismus im besonderen Maße für biotechnologische Anwendungen. Ein praktisches Beispiel ist die Fermentation von *R. eutropha* unter autotrophen Bedingungen mit $^{13}\text{CO}_2$ als einzige Kohlenstoffquelle (Heumann, 2000) zur Gewinnung von ^{13}C -markierten Biomolekülen, die beispielsweise in der quantitativen Massenspektrometrie als Standard Anwendung finden.

Um die Proteinbiosynthese auch durch heterologe Genexpression im industriellen Maßstab zu ermöglichen, dient das Bakterium als Ausgangsstamm für die Konstruktion maßgeschneiderter Produktionsstämme. Dazu wurden bereits leistungsstarke, plasmidbasierte Expressionssysteme für *R. eutropha* vorgestellt (Gruber *et al.*, 2014; Li & Liao, 2014; Lütke *et al.*, 2012). Ihre Entwicklung steigert die biotechnologische Attraktivität des Organismus sowohl für die autotrophe als auch heterotrophe Produktion von Proteinen und Metaboliten.

Von besonderer Bedeutung ist in diesem Sinne die Bildung von PHA. Seit über 50 Jahren wird die Fähigkeit von *R. eutropha* zur PHA-Produktion untersucht (Reinecke &

Steinbüchel, 2009). PHAs gelten als biokompatible und umweltfreundliche Biokunststoffe. Sie gehören zur Gruppe der Polyester und weisen in ihren physikalischen Eigenschaften große Ähnlichkeiten zu petrochemischen Polymeren wie Polypropylen oder Polyethylen auf. Als biologisch abbaubarer Kunststoffersatz finden sie Einsatz in der Verpackungsindustrie, Medizintechnik und Landwirtschaft (Budde *et al.*, 2011; Wu *et al.*, 2009; Reddy *et al.*, 2003; Steinbüchel, 1992). Insbesondere die Optimierung der thermoplastischen Eigenschaften sowie die Gestaltung kosteneffizienter Produktionsprozesse beispielsweise durch den Einbau von Lävulinsäure bei der Biosynthese von Poly[3-hydroxybutyrat/3-hydroxyvalerat] sind Gegenstand aktueller Forschung (Wang *et al.*, 2013).

Den Kohlenstofffluss hin zur PHA-Biosynthese in *R. eutropha* zu unterbinden, ist hingegen die Strategie bei der autotrophen Produktion von Isobutanol als Biokraftstoff (Brigham *et al.*, 2013) oder Methylketonen, die als Additive für Dieselkraftstoffe dienen (Müller *et al.*, 2013).

Weiterhin stellen die Enzyme der H₂-Oxidation aufgrund ihrer hohen Toleranz gegenüber O₂ und Kohlenstoffmonoxid vielversprechende Forschungsobjekte dar (Frielingsdorf *et al.*, 2014; Radu *et al.*, 2014; Fritsch *et al.*, 2013; Friedrich *et al.*, 2011). Beispielsweise ist die Anwendung der Hydrogenasen innerhalb eines Systems für die Regeneration von NADH (Horch *et al.*, 2013; Horch *et al.*, 2012) oder für die Konstruktion von H₂-Sensoren (Lutz & Fan, 2005) denkbar. Im Hinblick auf die Nutzung von H₂ als sauberen und nachhaltigen Energieträger der Zukunft sind Knallgas-Bakterien von besonderem biotechnologischen Interesse. Eine Möglichkeit der H₂-Gewinnung ausgehend von Sonnenlicht und Wasser bietet die Kopplung der Hydrogenasen an das Photosystem I (Krassen *et al.*, 2009; Ihara *et al.*, 2006).

Ein weiterer Forschungsansatz ist die Nutzung der Hydrogenasen als Katalysatoren zum Ersatz kostenintensiver und seltener Edelmetalle wie Platin in biologischen, enzymbasierten Brennstoffzellen (Wait *et al.*, 2010; Vincent *et al.*, 2005). In Kombination mit den denitrifizierenden Eigenschaften des Bakteriums ist weiterhin die Anwendung zur Trinkwasseraufbereitung durch autotrophe NO₃⁻-Entfernung denkbar (Park & Yoo, 2009). H₂ als Elektronendonator bietet dabei den Vorteil, aufgrund seiner geringen Wasserlöslichkeit leicht aus dem Medium eliminiert werden zu können und, im Gegensatz zur heterotrophen Denitrifikation, den Prozess nicht durch unerwünschte Abbauprodukte zu stören (Mousavi *et al.*, 2012).

Für den industriellen Einsatz von *R. eutropha* H16 als weiterhin biotechnologisch vielversprechenden Mikroorganismus, ist ein tiefes Verständnis zellinterner Prozesse

speziell zur autotrophen und anaeroben Lebensweise von Vorteil. Nach über 50 Jahren Grundlagenforschung an einzelnen biochemischen Funktionen des breit gefächerten Metabolismus ist mit dem vollständigen Vorliegen der Genomsequenz der Weg für eine globale Untersuchung – der Funktionellen Genomik – geebnet (Hayward, 2014; Liebl *et al.*, 2014). Hierbei stellt die Proteomik einen wertvollen Ansatzpunkt dar (Hecker, 2003).

1.2 Proteomik in der Mikrobiologie

Proteomik ist die umfassende Analyse von Gen- und Zellfunktionen auf der Ebene der Proteine. Sie beschäftigt sich mit Fragestellungen bezüglich Sequenz, Struktur und Stabilität sowie biologischer Funktion, posttranslationaler Modifikation, Zelllokalisierung und möglicher Interaktionspartner aller Proteine einer Zelle (Blackstock & Weir, 1999; Anderson & Anderson, 1998). Während das Genom als Pool aller potentiellen Funktionen eines Organismus relativ stabil ist, ist unter dem Proteom eine variable Menge an Proteinen zu verstehen, die in Abhängigkeit von endogenen und exogenen Faktoren einer stetigen Veränderung unterliegt (Anderson & Anderson, 1996). Die hohe Variabilität der Proteine und das weite Spektrum an möglichen posttranslationalen Modifikationen machen die Proteomik zu einer komplexen Wissenschaft. Die ihr zugrunde liegenden Separations-, Identifizierungs- und Quantifizierungsmethoden bedürfen schneller, reproduzierbar und präzise arbeitender Techniken (Otto *et al.*, 2014; Van Riper *et al.*, 2013).

Erste Proteom-Studien an *E.-coli*-Kulturen basieren auf der Technik der zweidimensionalen Polyacrylamid-Gelelektrophorese (2D-PAGE) (Klose, 1975; O'Farrell, 1975). Bereits im Jahr 1975 ermöglichte sie eine Auftrennung von mehr als eintausend Proteinen. Die erste Dimension einer 2D-PAGE umfasst eine elektrische Fokussierung, in der die Proteine einer Probe nach ihrem isoelektrischen Punkt (pI) aufgetrennt werden. In der zweiten Dimension erfolgt die Auftrennung der Proteine ausschließlich nach ihrer molekularen Masse (*molecular weight*, MW). Um dabei die Eigenladung der Proteine zu maskieren, wird Natriumdodecylsulfat (*sodium dodecyl sulfate*, SDS) eingesetzt, das durch Anlagerung sämtliche Proteine mit einer negativen Ladung ummantelt. Eine anschließende Färbung der im 2D-Gel als Spots vorliegenden Proteine mit Coomassie Blue oder Fluoreszenzfarbstoffen ermöglicht die Visualisierung und Quantifizierung durch vergleichende Bildanalyse (Bernhardt *et al.*, 1999). Zur Proteinidentifizierung werden relevante Spots ausgeschnitten und nach einem Trypsin-Verdau im Gel der Massenspektrometrie (MS) zugeführt (Shevchenko *et al.*, 1996; Rosenfeld *et al.*, 1992).

Bis heute erfolgt die Charakterisierung biologischer Systeme auf 2D-Gel-basierter Grundlage (Oliveira *et al.*, 2014; Rogowska-Wrzesinska *et al.*, 2013), beispielsweise (I) in Kombination mit der *De-novo*-Sequenzierung im Falle keine oder nur geringe Informationen zur Genomsequenz der untersuchten Organismen vorliegen (Wojdyla *et al.*, 2011), (II) zur proteomweiten Untersuchung von Proteinmodifikationen z. B. durch Phosphorylierung (Phosphoproteom) oder Carbonylierung als Zeichen von in den Zellen vorherrschendem oxidativen Stress (Bäsell *et al.*, 2014; Mikkat *et al.*, 2014; Mostertz & Hecker, 2003) oder (III) um der Frage nach neu synthetisierten bzw. degradierten Proteinen in der Zelle als Antwort auf veränderte Kultivierungsbedingungen nachzugehen (Voigt *et al.*, 2014). Speziell mit den Modellorganismen *B. subtilis* (Hecker *et al.*, 2008; Eymann *et al.*, 2004) und dem humanpathogenen Bakterium *Staphylococcus aureus* (Fuchs *et al.*, 2013) wurden umfangreiche 2D-Gel-basierte Arbeiten durchgeführt.

Die 2D-Gel-basierte Proteomik stellt eine leicht handhabbare und aussagekräftige Analyse-methode dar. Eine Einschränkung besteht jedoch darin, dass nur ein Teil des bakteriellen Proteoms visualisiert werden kann, denn eine Vielzahl von Proteinen bleibt der 2D-Gel-basierten Technik verborgen. Hierzu zählen vor allem Membranproteine als auch Proteine wie Regulatoren, die nur in geringen Mengen in der Zelle vorliegen (Santoni *et al.*, 2000). Ferner kann für basische wie z.B. ribosomale Proteine keine zufriedenstellende Auftrennung erzielt werden (Görg *et al.*, 2009; Rabilloud, 2009).

Eine Alternative zur gelbasierten Proteomik bietet die Kombination der Flüssigkeitschromatographie (*liquid chromatography*, LC) mit der massenspektrometrischen Analyse der Probeneluate (LCMS) (Mitulović & Mechtler, 2006; Aebersold & Mann, 2003). Da sie einen automatisierbaren Prozess und damit die Proteinanalyse im Hochdurchsatz erlaubt, wird sie als sogenanntes *Shotgun*-Verfahren bevorzugt zur Untersuchung von komplexen Proteinproben herangezogen. Hierbei werden die Proteine vor der LC durch die Endoprotease Trypsin zu Peptiden verdaut, was die Komplexität der Proben um ein Vielfaches erhöht. Um dieser Herausforderung zu begegnen, wird sich auch hier mehrerer hintereinander geschalteter Separationstechniken bedient. In der multidimensionalen Proteinidentifizierungstechnologie (MudPIT) wird das Peptidgemisch beispielsweise zuerst mittels Ionenchromatographie nach der Ionenstärke und in einem zweiten Schritt durch Umkehrphasenchromatographie nach Hydrophobizität aufgetrennt (Peng *et al.*, 2003). Die chromatographische Auftrennung mit sehr geringen Flussraten (nano-LC) erleichtert hierbei die Kopplung mit der MS (Martin *et al.*, 2000). Mit dieser Methode

erreichten Washburn *et al.* 2001 bei der Proteomanalyse von *Saccharomyces cerevisiae* mit 1.484 die bis dahin höchste Zahl an Proteinidentifizierungen, wobei zu den detektierten 24 % des 6.216 Proteine umfassenden theoretischen Proteoms Transkriptionsregulatoren wie auch Membranproteine zählten.

Eine andere Herangehensweise zur Reduktion der Probenkomplexität und damit Steigerung der Proteinidentifizierungen ist die Kombination gelbasierter und gelfreier Methoden wie beispielsweise der eindimensionalen Gelelektrophorese (1D-PAGE) mit einer nano-LC. Dieses Verfahren wird als GeLCMS bezeichnet (Rabilloud, 2009).

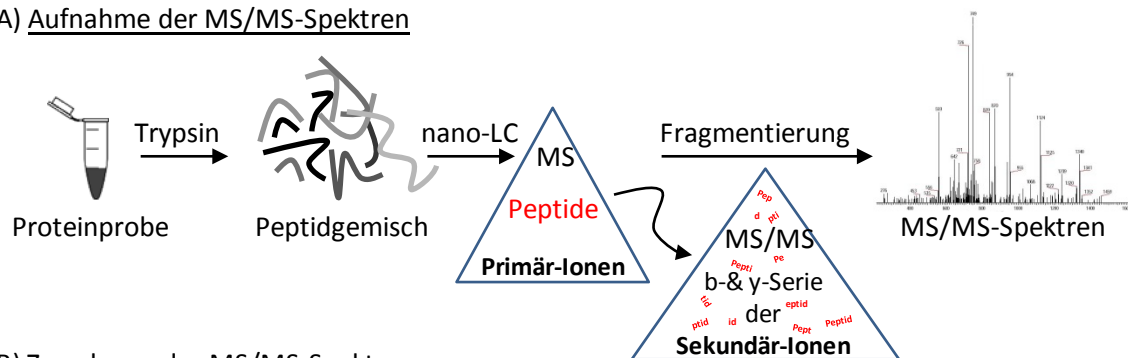
Neben der Probenseparation spielt bei der Proteinidentifizierung jedoch auch die massenspektrometrische Analyse der Proben eine zentrale Rolle (Cravatt *et al.*, 2007). Ein Massenspektrometer setzt sich allgemein aus einer Ionenquelle, dem Massenanalysator und einem Detektor zusammen. Als Messergebnisse werden in Form von MS-Spektren Masse-zu-Ladungs-Verhältnisse (m/z) der ionisierten Peptide ausgegeben.

Als Massenspektrometer in der 2D-Gel-basierten Proteomik haben sich Matrix-unterstützte Laser-Desorption/Ionisation-Flugzeitmassenspektrometer (*matrix-assisted laser desorption/ionisation-time of flight*, MALDI-TOF) bewährt (Tanaka *et al.*, 1988). Die Masse-zu-Ladungs-Verhältnisse der Peptide werden nach Ionisierung aus einer kristallinen Phase heraus durch ihre Flugzeit bestimmt. Aufgrund der geringen Komplexität der Proben aus den 2D-Gel-Spots, können die enthaltenen Proteine relativ einfach über die Auswertung der gemessenen Peptidmassen, dem sogenannten *peptide mass fingerprinting*, identifiziert werden (Henzel *et al.*, 2003). Ein Beispiel für die Anwendung der MALDI-TOF-basierten Proteinidentifizierung ist die Typisierung von Bakterienproben zur schnellen und preiswerten Pathogen-Identifizierung in der klinischen Mikrobiologie (Del Chierico *et al.*, 2014; Coltella *et al.*, 2013).

Für die Hochdurchsatz-Proteomik wird als Ionisationsmethode häufig die Elektrospray-Ionisation (ESI) herangezogen (Fenn *et al.*, 1989; Karas & Hillenkamp, 1988) und mit der Tandem-Massenspektrometrie (MS/MS) gekoppelt. Hierbei werden nach der Aufnahme des Peptidmassenspektrums Peptide durch eine automatische Methode (*data dependent acquisition*, DDA) ausgewählt, in einer mit Kollisionsgas gefüllten Stoßzelle fragmentiert und einer zweiten Massenanalyse zugeführt (siehe Abbildung 4 (A)). Da die Fragmentierung vorzugsweise entlang der Peptidbindung eintritt, lässt sich idealerweise aus den Massenabständen zwischen den Peaks im Fragmentspektrum die Aminosäuresequenz der Peptide ableiten (Steen & Mann, 2004; Roepstorff & Fohlman, 1984). Verschiedene Suchalgorithmen gestatten den

automatisierten Vergleich der MS/MS-Spektren mit theoretisch aus der Proteindatenbank des untersuchten Organismus erstellten Spektren und ermöglichen so die Proteinidentifizierung (siehe Abbildung 4 (B)). Technologische Entwicklung und nicht zuletzt Fortschritte in der bioinformatischen Aufarbeitung der MS-Daten führten sowohl zu immer höheren Proteinidentifizierungen als auch kürzeren Wartezeiten bei der Durchführung einer Proteomanalyse. Erst kürzlich wurde das *One-hour-Proteom* von *S. cerevisiae* vorgestellt, das die Detektion von ca. 4.000 Proteinen in 1,3 Stunden umfasst (Hebert *et al.*, 2014) und die Kurzzeitanalyse von weitaus komplexeren Proben beispielsweise menschlicher Herkunft in wenigen Stunden denkbar macht.

(A) Aufnahme der MS/MS-Spektren



(B) Zuordnung der MS/MS-Spektren

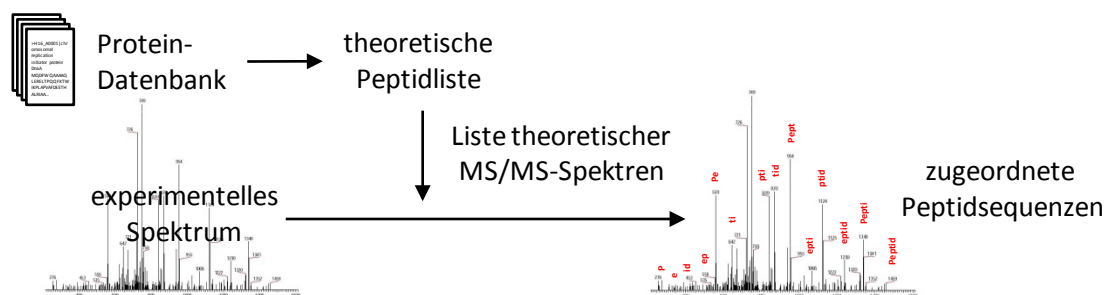


Abbildung 4 Hochdurchsatz-Proteomanalyse und Tandem-Massenspektrometrie. (A) Die Proteinprobe wird mit Trypsin verdaut, das resultierende Peptidgemisch über eine chromatographische Säule aufgetrennt und dem Tandem-Massenspektrometer zugeführt. Die Massen der Peptide werden bestimmt und Peptide für die anschließende Messung ihrer Fragmente (*b*- und *y*-Ionen) in der MS/MS ausgewählt. (B) Ausgehend vom MS/MS-Spektrum gilt es, die Peptidsequenz abzuleiten. Dazu wird der Trypsin-vermittelte Abbau der Proteine *in silico* simuliert und eine Liste aller möglichen Peptide erstellt. Ein Vergleich der theoretischen mit den experimentellen MS/MS-Spektren erlaubt die Bestimmung der Peptide und Identifizierung der in der Ausgangsprobe befindlichen Proteine. Abbildung in Anlehnung an Armengaud (2013).

Die Möglichkeit, quantitative Aussagen zum Proteininventar der Zellen zu treffen, stellt einen wichtigen Beweggrund für die Durchführung von Proteomstudien dar. Der Hochdurchsatz-Proteomik steht eine Vielzahl von Methoden zur Proteinquantifizierung zur Verfügung (siehe Review von Otto *et al.*, 2014). Grundsätzlich lassen sich markierungsfreie und -basierte Quantifizierungsansätze unterscheiden. Letztere

machen sich die Eigenschaft von Isotopen zunutze, chemisch weitgehend identisch zu sein, jedoch unterschiedliche Massen aufzuweisen. Leichte und schwere stabile Isotope lassen sich demnach in der Massenspektrometrie durch eine charakteristische Massendifferenz ihrer Peaks unterscheiden. Das Verhältnis der Ionenintensitäten bzw. Peakflächen der beiden Ionenformen steht in unmittelbarem Zusammenhang mit dem Mengenverhältnis der Isotopen-markierten Peptide und erlaubt daher eine relative Quantifizierung.

Die Markierung der Probe mit sogenannten stabilen Isotopen-Tags kann sowohl enzymatisch durch Übertragung eines ^{18}O beim Proteinverdau mit $^{18}\text{O}\text{-H}_2\text{O}$ (Yao *et al.*, 2001; Mirgorodskaya *et al.*, 2000), metabolisch durch Supplementation des Nährmediums mit schweren ^{15}N -Salzen oder ^{13}C -enthaltenden Aminosäuren (Conrads *et al.*, 2002) oder chemisch durch Reaktion mit einem Isotop-tragenden Affinitäts-Tag oder ähnlichen Reagenzien (Zhou *et al.*, 2002; Gygi *et al.*, 1999) durchgeführt werden. Zu vergleichende Probenansätze können nach der Markierung gemischt und gemeinsam analysiert werden. Schwankungen innerhalb der Probenvorbereitung wirken sich dadurch nicht auf das Quantifizierungsergebnis aus.

Für markierungsfreie Quantifizierungstechniken kann einerseits die Ionenintensität bzw. Peakfläche und andererseits die Zahl der durch MS/MS aufgenommenen Peptidspektren herangezogen werden (Neilson *et al.*, 2011). Letzterem Ansatz liegt die Überlegung zugrunde, dass die Wahrscheinlichkeit ein Protein zu identifizieren, mit zunehmender Menge des Proteins in der Probe steigt. Als Merkmal für die Proteinmenge in einer Probe sind danach die Sequenzabdeckung, die Anzahl der Peptide oder der Spektren denkbar (Gao *et al.*, 2003; Ficarro *et al.*, 2002; Pang *et al.*, 2002). Untersuchungen durch Liu *et al.* (2004) zeigten einen perfekt linearen Zusammenhang zwischen den Zahlen der Spektren (*spectral count*) und der Proteinmenge. Die Methode des *spectral counting* ist damit eine vielversprechende Methode für die Quantifizierung von relativen Veränderungen in der Proteinmenge (Vogel & Marcotte, 2012). Insbesondere bei der Untersuchung nicht-kultivierbarer Mikroorganismen oder in der humanen Proteomik stellt sie eine hilfreiche Alternative zur bewährten Technik der Isotopenmarkierung dar (Hendrickson *et al.*, 2006).

Die Proteomik umfasst damit eine große Anzahl an Technikvariationen, die in der mikrobiologischen Forschung bei den unterschiedlichsten Fragestellungen Einsatz finden (Del Chierico *et al.*, 2014) und weit über die umfassende *In-vitro*-Charakterisierung von einzelnen Modellorganismen wie *Pseudomonas aeruginosa* (Magnowska *et al.*, 2014), *E. coli* (Ping *et al.*, 2013) oder *B. subtilis* (Muntel *et al.*, 2014)

hinausgehen. So bietet die Proteomik beispielsweise im Zuge der Metaproteomik die Möglichkeit, gesamte mikrobielle Lebensgemeinschaften zu studieren (Benndorf & Reichl, 2014). Zu den Pionierarbeiten der marinen Metaproteomik (Williams & Cavicchioli, 2014) zählt die Analyse von Plankton im Nordpazifik, in der die Expression des erstmalig im Jahr 2000 entdeckten bakteriellen Rhodopsins, dem Proteorhodopsin (Béjà *et al.*, 2000), durch *Pelagibacter ubique* HTCC1062 im natürlichen Lebensraum nachgewiesen wurde (Giovannoni *et al.*, 2005). Die mikrobielle Besiedlung von abgestorbenem Blätterwerk war Gegenstand der Metaproteomstudien von Schneider *et al.* (2010), aus der geschlussfolgert werden konnte, dass vorrangig Pilze wie der Schlauchpilz *Aspergillus nidulans* durch die Expression extracytoplasmatischer Proteasen, Pektinasen und Cellulasen den Laubbau vornehmen, wohingegen sich die vorgefundenen Bakterien von den Abbauprodukten der Pilze ernähren.

Einen wichtigen Beitrag liefert die Proteomik auch zur Studie nicht-kultivierbarer Mikroorganismen. Für den Endosymbionten des Tiefsee-Röhrenwurms *Riftia pachyptila* konnte beispielsweise auf Grundlage von Proteomdaten nachgewiesen werden, dass der Energiemetabolismus auf der Oxidation von Sulfid basiert (Markert *et al.*, 2011; Markert *et al.*, 2007). Im Zuge eines proteogenomischen Ansatzes (Gardebrecht *et al.*, 2012), bei dem MALDI-TOF-MS/MS-basierte Proteinidentifizierungen zur Verifizierung metagenomischer Daten zu den Endosymbionten von *R. pachyptila* und dem Röhrenwurm *Tevnia jerichonana* herangezogen wurden, konnte die Anwesenheit artgleicher Symbionten in den beiden Wirten nachgewiesen und damit Ergebnisse vorangegangener Studien bestätigt werden.

Der Nutzen der Proteomik für biotechnologische Anwendungen wird durch vergleichende Studien wie die zum Vanillin-Metabolismus in *Pseudomonas putida* KT2440 verdeutlicht, bei der Enzyme definiert werden konnten, die funktionell die Vanillin-Dehydrogenase ersetzen (Simon *et al.*, 2014) und damit interessante Ansatzpunkte für eine verbesserte Produktion von Vanillin als gefragten Aroma-Stoff aufzeigen. Li *et al.* (2012) setzten bei Untersuchungen zum Abbau des als Umweltchemikalie geltenden Sexualhormons Estradiol durch *Stenotrophomonas maltophilia* die quantitative MudPIT ein und postulierten basierend auf den generierten Proteomdaten erstmals einen mikrobiellen Abbauweg von Estradiol über Estron zu Tyrosin. Ähnlich wie Estradiol besitzt auch die Industriechemikalie Bisphenol A eine hormonaktive Wirkung, unter der speziell höhere Wasserorganismen leiden. Zur Überwachung des biologischen Abbaus von Bisphenol A im Belebtschlamm von

Kläranlagen entwickelten Collado *et al.* (2013) eine gelbasierte Methode, bei der die Hydrochinon-Dioxygenase als Marker-Enzym fungiert.

Die Anwendung der Proteomik bei der Suche nach Proteinen, die als Biomarker geeignet sind, ist insbesondere für die klinische Mikrobiologie beispielweise im Zuge der Entwicklung von neuen diagnostischen Tests auf bakterielle Infektionen von Bedeutung (François *et al.*, 2014; Latterich *et al.*, 2008). Diesbezüglich birgt die putative Transglykosylase SAV2095 Potentiale, da sie nach vergleichenden Proteomstudien an unterschiedlich Vancomycin-sensiblen Isolaten als spezifisch für *S.-aureus*-Stämme mit mittlerer Vancomycin-Resistenz identifiziert wurde (Drummelsmith *et al.*, 2007). Für *Helicobacter pylori*, dem Erreger von Magenerkrankungen, wurde die Alkylhydroperoxid-Reduktase als vielversprechender diagnostischer Biomarker postuliert (Huang & Chiou, 2014). Zudem lässt sich die Proteomik zur Identifizierung von Faktoren heranziehen, die Wirt-Pathogen-Interaktionen beeinflussen (Depke *et al.*, 2014; Flores-Ramirez *et al.*, 2014; Vranakis *et al.*, 2014; Cui *et al.*, 2013). Bezüglich des pathogen-relevanten Vorganges des *quorum sensing* konnte durch Eberl & Riedel (2011) eine Vielzahl von Faktoren identifiziert werden, die Ansatzpunkte für die Entwicklung neuer Antibiotika darstellen.

Die Proteomik ist eine zentrale Disziplin der mikrobiellen Forschung. Die genannten Beispiele geben lediglich einen Auszug bedeutender Applikationen der mikrobiellen Proteomik wieder, verdeutlichen jedoch ihre vielfältigen Einsatzmöglichkeiten, die sich nicht zuletzt durch die hohe Relevanz von Mikroorganismen in den unterschiedlichsten Bereichen wie Umwelt, Biotechnologie und Medizin begründen.

1.3 Zielsetzung

Ziel der vorliegenden Arbeit war die Durchführung einer umfassenden Analyse des Proteoms von *R. eutropha* H16

- (I) beim Wachstum mit H_2 und CO_2 als alternative Energie- bzw. Kohlenstoffquelle zu Succinat und
- (II) beim Wachstum unter anaeroben Bedingungen mit NO_3^- als alternativen Elektronenakzeptor zu O_2 .

Durch Einbinden der Membranfraktion bei der Analyse des Proteoms sollten insbesondere Prozesse, die unter Mitwirken von Membranproteinen stattfinden, näher beleuchtet werden. Qualitative Aussagen sollten zur weiteren Aufdeckung von Proteinen führen, die speziell für den lithoautotrophen Stoffwechsel von Bedeutung sein könnten, und so den Grundstein für weitere Funktionsuntersuchungen legen.

2. Material und Methoden

2.1 Organismen und Plasmide

Die in dieser Arbeit verwendeten Bakterienstämme sind in Tabelle 1 aufgeführt. Bei dem Stamm HF1042 handelt es sich um eine isogene Mutante des Wildtyps *R. eutropha* H16. Verwendete Plasmide sind in Tabelle 2 aufgelistet.

Tabelle 1 Verwendete Bakterienstämme.

| Stamm | Genotyp | Referenz |
|---------------------------------------|--|-------------------------------------|
| <i>E. coli</i> | | |
| JM109 | F' <i>tra</i> $\Delta 36$ <i>lacI</i> ^q Δ (<i>lacZ</i>)M15 <i>proA</i> ⁺ <i>B</i> ⁺ /e14-(McrA-) Δ (<i>lac-proAB</i>) <i>thi</i> <i>gyrA</i> 96 (Nal ^r) <i>endA1</i> <i>hsdR17</i> (r _k -m _k ⁺) <i>relA1</i> <i>supE44</i> <i>recA1</i> | Yanisch-Perron <i>et al.</i> , 1985 |
| S17-1 | Tra ⁻ <i>recA</i> <i>pro</i> <i>thi</i> <i>hsdR</i> , <i>chr::RP4-2</i> | Simon <i>et al.</i> , 1983 |
| <i>R. eutropha</i>^a | | |
| H16 | Wildtyp; MBH ⁺ , SH ⁺ , RH ⁺ , HoxJ ⁻ | DSM428, ATCC 17699 |
| HF1042 | Δ <i>gloR</i> , Deletion in <i>h16_A1372</i> (<i>gloR</i>) | diese Arbeit |

^a *R. eutropha* H16 wurde ursprünglich als *Hydrogenomonas eutropha* charakterisiert (Wilde, 1962). Aufgrund wiederholter Korrekturen bei der taxonomischen Eingruppierung wurde der Stamm mehrfach umbenannt: *Alcaligenes eutrophus* (Davis *et al.*, 1970; Davis *et al.*, 1969), *Ralstonia eutropha* (Yabuuchi *et al.*, 1995), *Wautersia eutropha* (Vanechoutte *et al.*, 2004) und *Cupriavidus necator* (Vandamme & Coenye, 2004). In dieser Arbeit wird analog zur Veröffentlichung von Pohlmann *et al.*, 2006 die Bezeichnung *R. eutropha* verwendet, da es sich hierbei um den in der Literatur am häufigsten verwendeten Namen handelt.

Tabelle 2 Verwendete Plasmide.

| Bezeichnung | Relevante Merkmale | Referenz |
|-------------|---|---------------------------------|
| pLO3 | Tc ^r , <i>sacB</i> , RP4 <i>oriT</i> , ColE1 <i>ori</i> | Lenz & Friedrich, 1998 |
| pLitmus28 | Ap ^r , <i>lacZ'</i> , ColE1 <i>ori</i> M13 <i>ori</i> P _{T7} P _{T3} | New England Biolabs |
| pCH720 | pLitmus28, BamHI/BglII-verdaut und religiert, PstI- und XhoI-Schnittstelle entfernt | Anne Pohlmann, unveröffentlicht |
| pCH1678 | 1518 bp PCR-Fragment mit <i>gloR</i> -Genregion über XbaI-Schnittstelle in pCH720 | diese Arbeit |
| pCH1680 | XhoI/SalI- <i>In-frame</i> -Deletion in pCH1678 umklontiert in pLO3 | diese Arbeit |
| pCH1681 | <i>gloR</i> -Genregion mit 423 bp Deletion inkl. erweitertem Bereich stromaufwärts, über XbaI in pLO3 | diese Arbeit |

Verwendete Abkürzungen: Ap, Ampicillin; ^r resistent; Tc, Tetracyclin

2.2 Kulturmedien und Nährböden

Minimalmedium zur Anzucht von *R. eutropha* Zur Kultivierung wurde ein Minimalmedium in Anlehnung an Schlegel *et al.* (1961) und Friedrich (1982) verwendet. Das Minimalmedium enthielt auf 1 l 9,09 g Na₂HPO₄*12 H₂O, 1,5 g KH₂PO₄, 0,2 g MgSO₄*H₂O, 10 mg CaCl₂*2 H₂O, 5 mg FeCl₃*6 H₂O und 2 g NH₄Cl. Zur weiteren Versorgung mit Spurenelementen sowie Nickel wurde dem Medium 1 ml einer 10-fach

konzentrierten SL 6-Lösung (Pfennig, 1974) zugegeben. Der pH-Wert wurde auf 7,0 eingestellt. Für organoheterotrophe Anzuchten wurde das Minimalmedium mit 0,4 % (w/v) der jeweiligen Kohlenstoff- und Energiequelle supplementiert. Anaerobe Anzuchten wurden mit Fructose als Kohlenstoffquelle durchgeführt. Dem Minimalmedium wurde zudem Kaliumnitrat in einer Endkonzentration von 0,1 % (w/v) zugegeben. Im Falle der Anzucht mit Fructose und Glycerin (FGN) wurden je Supplement 0,2 % (w/v) als Endkonzentration eingesetzt. Für biphasische Wachstumsexperimente wurden 0,08 % (w/v) Dinatriumsuccinat (wasserfrei) und 0,32 % (w/v) Fructose bzw. Histidin verwendet. Lithoautotrophe Kultivierung erfolgte unter einer Gasatmosphäre aus 80 % (v/v) H₂, 10 % (v/v) O₂ und 10 % (v/v) CO₂. Gaslieferant war die Firma Air Liquide (Deutschland). Die einzelnen Supplemente wurden als Stammlösungen angesetzt und unter Berücksichtigung ihrer Hitzestabilität sterilisiert. Für eine metabolische Markierung der Zellen wurde ¹⁵NH₄Cl mit einer Isotopenanreicherung von 99,15 % (w/w) (Silantes GmbH, München, Deutschland) als einzige Stickstoffquelle eingesetzt.

Komplexmedien Als Komplexmedium fand für die Anzucht von *E. coli* LB-Medium (10 g Trypton, 5 g Hefeextrakt und 5 g NaCl pro Liter) und von *R. eutropha* LSLB-Medium (10 g Trypton, 5 g Hefeextrakt und 2,5 g NaCl pro Liter) Anwendung.

Agarplatten Zur Herstellung fester Nährböden enthielten die Medien 1,5 % Agar (Bacto™-Agar). Im Falle der Minimalmedium-Agarplatten für *R. eutropha* wurde die Pufferlösung (25 mM Na₂HPO₄, 11 mM KH₂PO₄) mit Agar versetzt, autoklaviert und durch nachträgliche Zugabe der sterilen Supplemente komplettiert. Für LB-Agarplatten wurden die Zusätze eingewogen, in A. bidest. gelöst und anschließend autoklaviert.

Antibiotika Die verwendeten Antibiotika sind in Tabelle 3 aufgelistet. Für eine Ampicillin-Stammlösung wurden 100 mg des Natriumsalzes in 1 ml A. bidest. gelöst. Als Tetracyclin-Stammlösung diente eine 10 mg/ml Tetracyclin-Hydrochlorid-Lösung in 70 % Ethanol. Stammlösungen wurden sterilfiltriert und bei -20°C gelagert.

Tabelle 3 Eingesetzte Antibiotika und ihre Endkonzentrationen im Flüssig- und Festmedium für die verwendeten Stämme.

| Antibiotikum | Flüssigmedium | Festmedium |
|--------------------|---------------|------------|
| Ampicillin | | |
| <i>E. coli</i> | 25 µg/ml | 50 µg/ml |
| <i>R. eutropha</i> | 50 µg/ml | 100 µg/ml |
| Tetracyclin | | |
| <i>E. coli</i> | 5 µg/ml | 10 µg/ml |
| <i>R. eutropha</i> | 7 µg/ml | 15 µg/ml |

2.3 Zellanzucht

Anzucht auf Agarplatten Als vergleichsweise einfache Methode zur Bestimmung des Wachstumsvermögens auf unterschiedlichen Nährstoffquellen wurden 10 µl einer Kultur mit einer OD₄₃₆ von eins auf entsprechende Agarplatten getropft und drei Tage bei 30°C, bei Bedarf im Witt'schen Topf unter definierter Gasatmosphäre, inkubiert.

Anzucht in Mikrotiterplatten Zur vergleichenden Untersuchung des Wachstumsverhaltens von *Ralstonia*-Stämmen auf unterschiedlichen Nährstoffquellen wurden Anzuchten in 96-Well-Mikrotiterplatten durchgeführt. Die Platten wurden dafür über 72 Stunden im SpectraMax 340 (Molecular Devices, Kalifornien, USA) sowohl inkubiert (30°C) und geschüttelt als auch ausgelesen. Letzteres geschah durch stündliche Messung der Absorption bei 436 nm, der eine Vibrationsphase von 60 Sekunden vorausging. Um einerseits eine sterile Anzucht und andererseits einen stetigen Gasaustausch zu ermöglichen, wurden die Mikrotiterplatten mit einer gasdurchlässigen Klebefolie (Breathe-Easier, Diversified Biotech) abgedeckt. Für jeden Stamm, der auf sein Wachstumsverhalten in einem bestimmten Medium untersucht werden sollte, wurden pro Medium drei Replikate angefertigt und eine Negativkontrolle mitgeführt. Dazu wurden die Vertiefungen der Mikrotiterplatten unter der Laminarbox mit 5 bis 15 µl einer Succinat-Vorkultur versehen und diese anschließend auf 200 µl mit Medium aufgefüllt. Die Vertiefungen der Negativkontrollen enthielten ausschließlich das jeweilige Medium. Aus den Absorptionen der Triplikate wurde das arithmetische Mittel gebildet und von diesem die Absorption der Negativkontrolle abgezogen. Zum Vergleich von Wachstumsgeschwindigkeiten verschiedener Kulturen werden generell (auch bei Anzuchten im Fermenter) exponentielle Wachstumsraten angegeben.

Anzucht in Glasgeräten *E. coli* wurde in Rundkolben oder in Reagenzgläsern kultiviert. Die Anzucht von *R. eutropha* erfolgte generell in Schikanekolben. Für Wachstumsversuche und Anzuchten für spätere Transkriptanalysen von *Ralstonia* wurden 100 ml Medium in einem 500 ml-Erlenmeyerkolben auf eine OD₄₃₆ von 0,05 oder 0,1 beimpft. Die Kultivierung erfolgte bei 150 rpm und 30°C bis zum Erreichen der stationären Phase. Lithoautotrophe Anzuchten wurden in einem Exsikkator durchgeführt.

Anzucht im Fermenter Großanzuchten im 10 l-Maßstab erfolgten in einem Fermenter der Firma Bioengineering, Schweiz des Typs NLF 22. Der Fermenter wurde nach Herstellerangabe sterilisiert und mit Medium gefüllt. Für organoheterotrophe Anzuchten wurde sterile Luft in den Fermenter mit einem konstanten Gasstrom gepumpt. Lithoautotrophe Anzuchten erfolgten wie unter Abschnitt 2.2 beschrieben mit

einem definierten Gasgemisch aus H_2 , O_2 und CO_2 . Zur anaeroben Anzucht wurde der Fermentergasraum mit Helium gefüllt und das Medium vor dem Animpfen mit Helium durchspült. Bei den Anzuchten unter Einsatz von synthetischen Gasen wurde stets darauf geachtet, dass ein kleiner Überdruck von 50 mbar im Fermenter herrschte. Das Fermentermedium wurde mit exponentiell wachsenden Zellen auf eine OD_{436} von 0,05 oder 0,1 angeimpft. Die Kultivierungsbedingungen der Vorkulturen im Schikanekolben entsprachen hinsichtlich der Kohlenstoff und Energiequellen denen der geplanten Fermenterhauptkulturen. Vorkulturen für ^{15}N -Anzuchten erfolgten zur möglichst vollständigen Proteinmarkierung auch unter Zugabe von ^{15}N -Ammoniumchlorid. Anaerobe Anzuchten wurden mit einer aerob gewachsenen Fructose-Vorkultur angeimpft. Die Zellkultivierung erfolgte bei 30°C und 180 rpm. Neben der *Online*-Messung von Temperatur, pH-Wert, CO_2 - und O_2 -Konzentration, wurde *offline* das Wachstum durch Messung der OD_{436} und zusätzlich im Falle der anaeroben Anzucht durch Bestimmung der Konzentration an NO_3^- und der Denitrifikationsprodukte NO_2^- , NO, N_2O und N_2 kontrolliert (siehe Abschnitt 2.6).

2.4 Zellernte

Die Ernte von lithoautotroph und aerob organoheterotroph gewachsenen *R.-eutropha*-Zellen erfolgte, sofern nicht anders vermerkt, in der exponentiellen Wachstumsphase bei einer OD_{436} von eins. Von den anaerob gewachsenen Fermenterkulturen wurden sechs Proben in unterschiedlichen Phasen der Denitrifikation geerntet.

Proteomanalytik Die Ernte der zur Proteomanalyse angezogenen Fermenterzellen (1 l) erfolgte durch Zentrifugation bei $6.000 \times g$ für 20 Minuten bei 4°C. Das erhaltene Zellpellet wurde in mit Proteaseinhibitor Phenylmethysulfonylfluorid (PMSF) versetztem (0,3 mg/ml PMSF) Phosphat-Puffer aufgenommen, auf vier Eppendorfgefäße aufgeteilt und nach erneuter Zentrifugation ($6.000 \times g$, 15min, 4°C) und Entfernung des Überstandes in Stickstoff schockgefroren. Die Lagerung erfolgte bis zur weiteren Verwendung bei -80°C.

Transkriptanalytik Zur Transkriptanalyse mittels qRT-PCR wurden 100 ml Fermenterkultur bzw. 10 ml Kolbenkultur (10 OD-Einheiten) in 2 Volumen 60 %-igem Methanol (eiskalt) geerntet. Nach Zentrifugation ($6.000 \times g$, 20 min, 4°C) wurden die Zellen in 3 ml RNaprotect® (QIAGEN) resuspendiert und bis zur weiteren Verwendung bei -80°C gelagert. Die Ernte in Methanol und RNaprotect® diente dem Einstellen sämtlicher Stoffwechselprozesse (*metabolic quenching*) einschließlich Abbau und Biosynthese von mRNA.

2.5 Lagerung und Konservierung von Bakterienstämmen

Für den täglichen Laborbedarf wurden Vereinzelausstriche von Bakterienstämmen bei 4°C bis zu vier Wochen auf selektiven Agarplatten gehalten. Zur Stammkonservierung wurde *E. coli* in LB-Medium und *R. eutropha* in FN-Medium – falls erforderlich mit Antibiotikum – bis zur spät-exponentiellen Phase kultiviert und in Stammhaltungsröhrchen mit sterilem Glycerin (25 % [v/v] Endkonzentration) versetzt, gut durchmischt und unverzüglich zur Lagerung bei -80°C eingefroren. Vorkulturen für Fermenter-Anzuchten wurden aus Glycerinkulturen angeimpft.

2.6 Probenanalytik

2.6.1 Messung der optischen Dichte

Das Wachstum der Kulturen wurde durch Messung der optischen Dichte verfolgt. Gemessen wurde an einem Spektralphotometer (U-2000, Hitachi, Japan) bei einer Wellenlänge von 436 nm für *R. eutropha* und 600 nm für *E. coli* gegen Minimal- bzw. LB-Medium. Zu bestimmende Zellsuspensionen wurden dabei so verdünnt, dass eine Absorption von 0,3 nicht überschritten wurde.

2.6.2 NO₃⁻-Bestimmung

Die Bestimmung von NO₃⁻ in den Kulturüberständen erfolgte durch die Messung des Gesamtgehalts an Stickstoffoxiden (NO₃⁻+NO₂⁻). Dazu wurden die gelösten Stickoxide mit Vanadium-(III)-Chlorid in hydrochloriger Säure bei 90°C zu NO reduziert (Braman & Hendrix, 1989) und dieses anschließend wie in 2.6.4 beschrieben quantifiziert. Durch Subtraktion des NO₂⁻-Anteils (siehe 2.6.3) vom Gesamtstickstoffoxidgehalt ergab sich die NO₃⁻-Konzentration. Die Durchführung und Berechnung erfolgte durch Dr. Cramm.

2.6.3 NO₂⁻-Bestimmung

Der Nachweis von NO₂⁻ nach Lowe & Evans (1964) beruht auf der Bildung eines Azofarbstoffes durch Azokupplung aus Sulfanilamid mit einem Naphtylamin-Derivat in Gegenwart von NO₂⁻. Folgender Reaktionsansatz fand Verwendung:

| Reagenzien | Volumen |
|---|---------|
| A. bidest. | 1,5 ml |
| zellfreier Überstand | 5 µl |
| Lösung A (58 mM Sulfanilamid in 3 N HCl) | 0,5 ml |
| Lösung B (0,39 mM <i>N</i> -(1-Naphtyl)-ethylendiamin-dihydrochlorid [NED]) | 0,5 ml |

Die NO_2 -Konzentration wurde nach 10 Minuten Inkubation durch Messung der Extinktion bei 546 nm in einem Mikrotiterplattenlesegerät (SpectraMax 340; Molecular Devices, Kalifornien, USA) anhand einer mit NaNO_2 erstellten Eichkurve für einen Bereich von 0 bis 10 mM NaNO_2 ermittelt. Für die Extinktionsmessung wurden jeweils 200 μl des Reaktionsansatzes eingesetzt.

2.6.4 Bestimmung gasförmiger Denitrifikationsprodukte

Die Bestimmung der gasförmigen Denitrifikationsprodukte N_2O und N_2 aus dem Gasraum des Bioreaktors erfolgte gaschromatographisch wie durch Cramm *et al.* beschrieben. NO wurde basierend auf dem Phänomen der Ozon-Chemolumineszenz mit Hilfe eines Sievers NO Analyzer (NOA 280i), wie von Kay *et al.*, 2000 beschrieben, bestimmt. Die Berechnungen wurden von Dr. Cramm durchgeführt.

2.6.5 Immunblot

Die elektrophoretische Separation der Proteine im SDS-Gel erfolgte wie unter 2.8.3 beschrieben. Für den Transfer der Proteine vom Gel auf eine Nitrocellulosemembran (BA 83, Schleicher & Schüll) fand ein Elektrobplotgerät der Firma peqlab im „Semi-dry“-Verfahren Verwendung. Die Vorinkubation erfolgte für 20 min in Transferpuffer (25 mM Tris, 192 mM Glycin). Der Transfer erfolgte bei 15 mV für 30 min. Die Membran wurde für mindestens eine Stunde in Blockpuffer (3 % [w/v] Skim Milk Powder (Fluka) in TBST-Puffer (20 mM Tris-HCl [pH 7,5], 150 mM NaCl, 0,05 % [v/v] Tween-20)) abgesättigt, um unspezifische Bindungen des Antikörpers an die Membran zu verhindern. Es folgte eine einstündige Inkubation der Membran in einer Lösung des primären Antikörpers in TBST-Puffer (Verdünnung 1:1.000 bis 1:10.000) unter Schwenken. Danach wurde die Membran dreimal für 5 min in TBST-Puffer gewaschen und anschließend in einer Lösung des sekundären Antikörpers (Ziege anti-Kaninchen-IgG-Alkalische Phosphatase-Konjugat, Dianova) in TBST-Puffer (Verdünnung 1:20.000) inkubiert. Nach erneutem dreimaligen Waschen mit TBST-Puffer für jeweils fünf Minuten und fünfminütiger Äquilibration in Entwicklungspuffer (100 mM Tris-HCl [pH 9,5], 100 mM NaCl, 5 mM MgCl_2) wurde die Farbreaktion gestartet. Hierfür wurden die Färbereagenzien BCIP (5-Brom-4-chlor-3-indolylphosphat, 50 mg/ml in 100 % Dimethylformamid) und NBT (p-Nitroblautetrazoliumchlorid, 100 mg/ml in 70 % Dimethylformamid) frisch im Verhältnis 1:1.000 in Entwicklungspuffer eingesetzt. In dieser Färbelösung wurde die Membran inkubiert, bis violette Banden sichtbar wurden. Die Reaktion wurde durch mehrmaliges Spülen der Membran mit A. bidest. abgestoppt.

2.6.6 Bestimmung der Hydrogenaseaktivität

NAD⁺ als Elektronenakzeptor Um die Hydrogenaseaktivität im löslichen Extrakt mit NAD⁺ als Elektronenakzeptor zu bestimmen, wurden 1,9 µl H₂-gesättigter, auf 30°C temperierter Phosphorylierungspuffer (50 mM Tris-HCl [pH 8,0], 50 mM KCl, 5 mM MgCl₂, und 5 % (w/v) Glycerin) in einer 3 ml-Anaerobenküvette verwendet. Nach Zugabe von 40 µl einer 50 mM NAD⁺-Lösung wurde die Reaktion durch Zugabe von 10 - 75 µl löslichem Extrakt gestartet. Die Messung erfolgte bei 339 nm, um die Bildung von NADH ($\epsilon_{339} = 6,22 \text{ cm}^2/\mu\text{mol}$) und der eingesetzten Proteinmenge wurde die Enzymaktivität bestimmt.

Methylenblau als Elektronenakzeptor Für die Bestimmung der H₂-Aktivität in der Membranfraktion wurde durch die H₂-abhängige Reduktion des artifiziellen Elektronenakzeptors Methylenblau durchgeführt. 1,9 ml eines H₂-gesättigten KH₂PO₄/K₂HPO₄-Puffers (50 mM, pH 7,0) wurden in einer 3 ml-Anaerobenküvette vorgelegt und mit 7,5 µl 50 mM Methylenblau-Lösung (in 50 mM KPO₄-Puffer, pH 7,0) versetzt. Nach Zugabe von 10 µl einer 30 mM Natriumdithionit-Lösung (30 mM, H₂-gesättigt) wurde die Reaktion durch 5 – 25 µl des Membranextraktes gestartet. Der Reaktionsverlauf wurde bei 30°C mit einem Spektralphotometer (CARY 300 SCAN; Varian, USA) bei 570 nm aufgezeichnet. Durch Einbeziehung des molaren Extinktionskoeffizienten ($\epsilon_{570} = 13,1 \text{ cm}^2/\mu\text{mol}$) und der Proteinmenge der eingesetzten Probe konnte die Enzymaktivität bestimmt werden.

2.7 Standardtechniken für das Arbeiten mit DNA und RNA

2.7.1 Behandlung von Geräten und Lösungen

Um den unkontrollierten Abbau von DNA bzw. RNA zu vermeiden, waren Geräte und Lösungen frei von aktiven DNasen bzw. RNasen zu halten. Die Inaktivierung von DNase erfolgte bei hitzebeständigen Geräten und Lösungen durch Autoklavieren für 20 Minuten bei 121°C oder speziell bei Glasgeräten durch trockene Hitze bei 180 °C über 6 Stunden. Nicht-autoklavierbare Geräte wurden mit 70 % Ethanol und sterilem A. bidest. gespült. Nicht-autoklavierbare Lösungen wurden sterilfiltriert. Beim Arbeiten mit RNA ist besondere Sorgfalt geboten, da RNasen sehr stabile und ubiquitär vorkommende Enzyme sind. RNA-Arbeiten wurden generell mit Handschuhen und getrennt von DNA-Arbeiten auf mit RNase AWAY® (Carl Roth GmbH & Co KG) behandelten Arbeitsflächen durchgeführt. Zudem fanden RNase-freie Einwegmaterialien

(z.B. Filterspitzen) Verwendung. Das verwendete Wasser wurde mit Diethylpyrocarbonat (DEPC) behandelt. Dazu wurde DEPC in einer Endkonzentration von 0,1 % A. bidest. zugesetzt und die Lösung über Nacht bei 37°C inkubiert. Anschließend wurde das DEPC durch Autoklavieren zersetzt.

2.7.2 DNA-Isolierung

2.7.2.1 Isolierung von Gesamt-DNA

Die Isolation der Gesamt-DNA aus *R. eutropha* wurde nach Chen & Kuo, 1993 durchgeführt. Dazu wurden 1,5 ml einer Übernachtskultur abzentrifugiert (3 min, 12.000 rpm, 4°C) und das Zellpellet in 200 µl Lysispuffer (40 mM Tris, 20 mM Natriumacetat, 1 mM EDTA, 1 % [w/v] SDS, mit Essigsäure auf pH 8,7 eingestellt) resuspendiert. Durch Zugabe von 66 µl 5 molarer Natriumchloridlösung und anschließendem sorgfältigen Mischen erfolgte das Aussalzen der Proteine. Nach Zentrifugation (10 min, 12.000 rpm, 4°C) wurde der Überstand in ein neues Reaktionsgefäß überführt und mit dem gleichen Volumen an Chloroform ausgeschüttelt. Nach erneuter Zentrifugation (3 min, 12.000 rpm, 4°C) wurde die DNA aus dem Überstand unter Zugabe von absolutem Ethanol gefällt, getrocknet und in einem geeigneten Volumen A. bidest. aufgenommen.

2.7.2.2 Plasmidpräparation

Plasmidisolation im analytischen Maßstab Zur standardmäßigen Isolation von Plasmid-DNA aus *E.-coli*-Zellen wurde ein Protokoll nach Birnboim & Doly, 1979 angewendet. Das Zellpellet einer 2 ml Übernachtskultur wurde dazu in 100 µl Lösung I (50 mM Tris-HCl, 10 mM EDTA, 100 µg/ml RNase, eingestellt auf pH 8,0) resuspendiert. Durch Zugabe von 200 µl Lösung II (0,2 M NaOH, 1 % (w/v) SDS), vorsichtigem Schwenken und fünfminütiger Inkubation bei Raumtemperatur erfolgte eine alkalische Lysis der Zellen. DNA-Renaturierung und Proteinpräzipitation erfolgte während der Inkubation (5 min, auf Eis) mit 200 µl Lösung III (3 M Kaliumacetat, pH 5,5). Nach Zentrifugation (20 min, 12.000 rpm, 4°C) wurde die im Überstand befindliche DNA mit eiskaltem absoluten Ethanol gefällt (10 min, -20°C), pelletiert (30 min, 12.000 rpm, 4°C) und mit kaltem 70 %-igen (v/v) Ethanol gewaschen. Die durch 10 minütige Behandlung in der SpeedVac Plus (SC110A, Savant) getrocknete DNA wurde in 50 µl A. bidest. aufgenommen. Verunreinigungen mit RNA wurden durch Zugabe von 1 µl einer 10 µg/ml RNase-Lösung abgebaut.

Plasmidisolierung im präparativen Maßstab Die Isolierung hochreiner Plasmid-DNA aus *E.-coli*-Zellen erfolgte unter Anwendung des QIAprep Spin Miniprep Kits nach Angaben des Herstellers. Die Methode zeichnet sich durch ihre vergleichsweise schnelle Anwendung und einen hohen Reinheitsgrad der erhaltenen Plasmid-DNA aus.

2.7.3 Konzentrationsbestimmung von DNA- und RNA-Lösungen

Die Konzentration von DNA-Fragmenten in Agarosegelen (siehe 2.7.4) wurde nach Anfärben mit Ethidiumbromid durch Vergleich der resultierenden Fluoreszenzintensitäten mit denen eines mitgeführten Standards bekannter Konzentration abgeschätzt. Eine genaue Konzentrationsbestimmung von DNA sowie RNA erfolgte photometrisch (NanoDrop®, Thermo Scientific) durch Messung der Absorption bei 260 nm. Der Reinheitsgrad einer DNA- oder RNA-Lösung wurde über das Verhältnis der Absorptionen bei 260 nm und 280 nm bestimmt. Für reine Nukleinsäurelösungen liegt das Verhältnis um 1,8 (Sambrook *et al.*, 1989). Bei Verunreinigungen durch Protein oder Phenol, sinkt der Quotient entsprechend. Die Qualität und Konzentration der für die qRT-PCR eingesetzten RNA wurde zudem mit Hilfe des Agilent 2001 Bioanalyzers und dem Protokoll des zugehörigen Reagent Kit Guide RNA 6.000 Nano Assay (Agilent Technologies) bestimmt.

2.7.4 Agarose-Gelelektrophorese

Die gelelektrophoretische Auftrennung von DNA-Fragmenten wurde mittels horizontalen Gelkammern (Werkstatt der FU Berlin) realisiert. Die Gele wurden aus 1 % (w/v) Agarose (Invitrogen, Deutschland) in TPE-Puffer (80 mM Tris/H₃PO₄ [pH 7,6], 8 mM EDTA) gegossen und mit TPE-Puffer überschichtet. Vor dem Auftragen der DNA-Proben auf das Gel wurden diese mit etwa 0,2 Volumen DNA-Probenpuffer (50 % (v/v) Glycerin, 0,05 % (w/v) Bromphenolblau, 0,05 % (w/v) Xylencyanol, 0,1 mM EDTA in TPE-Puffer) versetzt. Zur späteren Größenbestimmung und Mengenabschätzung der DNA-Fragmente wurde als DNA-Standard 2-Log-DNA-Ladder (0,1 – 10,0 kb; New England Biolabs, USA) mit auf die Gele aufgetragen. Die DNA-Auftrennung erfolgte bei einer elektrischen Spannung von 90 mV. Zur Detektion der DNA-Banden im analytischen Ansatz wurden die Gele in einer Ethidiumbromid-Lösung (2 µg/ml) für 10 Minuten gefärbt und anschließend in A. bidest. entfärbt. Für präparative Gele wurde der Agaroselösung vor dem Gießen GelRed Nucleic Acid Stain™ (Biotium) in einer Endkonzentration von 0,01 % (v/v) beigegeben. Die Auswertung der Fluoreszenz-markierten DNA erfolgte mittels UV-Transilluminator (Chroma 41 Vetter GmbH,

Wiesloch) bei 254 nm. Die Ergebnisse wurden unter Verwendung einer CCD-Kamera (E.A.S.Y 429K, Herolab) über einen angeschlossenen Thermodrucker (CP770DW, Mitsubishi) dokumentiert.

2.7.5 Extraktion von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen

Mit dem QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen) wurden DNA-Fragmente für Klonierungen und Sequenzierungen aus Agarosegelen nach den Angaben des Herstellers isoliert. Die DNA-Auftrennung erfolgte zuvor in einem präparativen Agarosegel (siehe 2.7.4).

2.7.6 Enzymatische Modifikation von DNA

2.7.6.1 DNA Restriktion und Ligation

Die sequenzspezifische Restriktion von DNA mittels Endonukleasen (New England Biolabs, USA) erfolgte in 10 bis 50 µl-Ansätzen nach Anweisung des Herstellers. Die Restriktion von Plasmiden erfolgte generell unter Zugabe der alkalischen Phosphatase CIP (New England Biolabs, USA), um eine ungewollte Religation zu vermeiden. DNA-Ligationen wurden in 25 µl Ansätzen durchgeführt. Die zu ligierenden Einheiten wurden dazu vorerst über Gelextraktion oder mittels SureClean (Bioline) gereinigt. Im Fall einer Religation erfolgte die Inaktivierung der Restriktionsenzyme durch Hitze nach Herstellerempfehlung. Die Ligation von etwa 0,5 bis 1 µg DNA wurde in Ligase-Puffer (New England Biolabs, USA) mit 1 – 2 Units T4 DNA-Ligase (New England Biolabs, USA) über Nacht bei 16°C durchgeführt. Vor jeder Transformation wurde die DNA-Ligase durch 10-minütige Inkubation des Ligationsansatzes bei 65°C hitzeinaktiviert.

2.7.7 Polymerasekettenreaktion

Die *In-vitro*-Amplifikation doppelsträngiger DNA-Fragmente erfolgte in einem DNA Engine Dyad Peltier Thermal Cycler (BioRad, USA). Für analytische PCR-Ansätze wurde *Taq*-DNA-Polymerase (Invitrogen) verwendet. Für die Amplifikation zu klonierender Fragmente wurde Platinum® *Pfx*-DNA-Polymerase mit *Proof-Reading*-Aktivität (Invitrogen) eingesetzt. Verwendete Puffersysteme stammen vom Enzymhersteller. Als PCR-Ausgangsmaterial dienten entweder gereinigte DNA-Lösungen (siehe 2.7.2) oder im Falle der Kolonie-PCR eine für 10 Minuten im Wasserbad aufgekochte Zellsuspension (eine Pipettenspitze Koloniematerial resuspendiert in 100 µl A. bidest.). Für die weitere Verwendung wurden PCR-Fragmente mit dem QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen) unter Angaben des Herstellers gereinigt. Verwendete Primer wurden über das

Molekularbiologische Labor Dr. Martin Meixner (Berlin, Germany) von Sigma-Genosys (USA) bezogen.

2.7.8 DNA-Sequenzierung

Sequenzierungsarbeiten ausgehend von Plasmid-DNA oder PCR-Fragmenten wurden von dem Molekularbiologischen Labor Dr. Martin Meixner (Berlin, Deutschland) nach dem Prinzip der Kettenabbruchmethode nach Sanger *et al.*, 1977 durchgeführt. Die Analyse von Sequenzdaten erfolgte unter Nutzung der Software Chromas (www.technelysium.com.au/chromas.html). Für Datenbankvergleiche wurde das Programm BLAST (Altschul *et al.*, 1990) verwendet, das über den NCBI Server unter www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/ zugänglich war.

2.7.9 Plasmidtransfer

2.7.9.1 Transformation

Chemokompetente *E.-coli*-Zellen wurden mit Hilfe von Plasmiden transformiert. Die künstliche Kompetenz wurde durch folgende Vorbehandlung der Zellen erreicht: 50 ml LB-Medium einer *E.-coli*-Übernachtskultur wurden auf eine OD₆₀₀ von 0,02 angeimpft und bei 37°C und 130 rpm auf eine OD₆₀₀ von 0,6 bis 0,8 angezogen. Nach 10-minütiger Inkubation auf Eis wurden die Zellen in sterilen Falconröhrchen abzentrifugiert (10 min, 4.000 rpm, 4°C) und in 20 ml eiskalter MgCl₂-Lösung (0,1 M) resuspendiert. Nach erneuter Zentrifugation erfolgte das Resuspendieren des Pellets in 10 ml eiskalter CaCl₂-Lösung (0,1 M). Die Zellen wurden 20 Minuten auf Eis inkubiert und nach einem weiteren Zentrifugationsschritt in 1 ml CaCl₂-Lösung aufgenommen. Nach Zugabe von 300 µl Glycerin (steril, 87 % [v/v]) wurden die kompetenten Zellen zu je 100 µl aliquotiert und bei -80°C gelagert. Zur Transformation wurden 100 µl der in Suspension befindlichen kompetenten Zellen langsam auf Eis aufgetaut, vorsichtig mit mindestens 50 ng DNA (Ligationsansatz oder Plasmidlösung) vermischt und anschließend 20 Minuten auf Eis inkubiert. Nach einem Hitzeschock (2 min, 42°C) wurden die Zellen 10 Minuten auf Eis inkubiert und unter Zugabe von 1 ml LB-Medium eine Stunde bei 37°C kultiviert. Jeweils 100 µl der transformierten Zellen wurden auf LB-Selektivagar ausplattiert.

2.7.9.2 Konjugation

Da der Stamm *R. eutropha* für einen Plasmidtransfer via Transformation nicht zugänglich ist, wurde ein konjugativer Transfer mit *E. coli* S17-1 als Donor durchgeführt. *E. coli* S17-1 verfügt über die für die Konjugation nötigen *tra*-Gene. Diese liegen auf dem

chromosomal integrierten RP4-Plasmid. Zudem ist der Stamm S17-1 auxotroph für Thiamin und Prolin, was die spätere Selektion der Transkonjuganten auf Minimalmedium ermöglicht.

Donor und Rezipient wurden über Nacht in LSLB-Selektivmedium bzw. Succinat-Minimalmedium bis zur frühstationären Phase angezogen. Die Zellen wurden steril in 5 ml Phosphatpuffer (25 mM Na₂HPO₄, 11 mM KH₂PO₄) gewaschen (Zentrifugation bei Raumtemperatur: 5 min, 8.000 rpm) und in 1 ml Phosphatpuffer resuspendiert. Jeweils 100 µl Zellsuspension des Donors und des Rezipienten wurden übereinander auf eine frische LSLB-Platte getropft und für 5 Stunden bei 37°C inkubiert. Anschließend wurden die Zellen mit einer Impföse von der Agarplatte vorsichtig abgeschabt und in 2 ml Phosphatpuffer resuspendiert. Ausplattiert wurden jeweils 100 µl mehrerer Verdünnungsstufen auf für *R. eutropha* Transkonjuganten selektiven Agarplatten basierend auf Minimalmedium plus Antibiotikum. Transkonjuganten, die nach dreitägiger Inkubation bei 30°C Kolonien gebildet hatten, wurden durch wiederholte Vereinzelung auf Selektivagar gereinigt.

2.8 Methoden der Proteomanalyse

2.8.1 Zellaufschluss und Gewinnung der löslichen und Membranfraktion

Für die Proteomanalyse der im Fermenter angezogenen Kulturen wurden subzelluläre Fraktionen präpariert, die (I) lösliche Proteine (lösliche Fraktion) und (II) solubilisierter Proteine der Membran (Membranfraktion) enthielten. Für die Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise wurden drei von insgesamt acht Anzuchten, wie auch die darauffolgenden Probenpräparation durch S. Lütte und Dr. A. Pohlmann angefertigt.

Als Ausgangsmaterial für die relative Proteinquantifizierung im Zuge des Vergleichs von lithoautotropher und heterotropher Lebensweise diente eine Mischung von je 100 mg invers markierter Zellen (¹⁴N-markierte heterotroph gewachsene Zellen/¹⁵N-markierte lithoautotroph gewachsene Zellen bzw. ¹⁵N-markierte heterotroph gewachsene Zellen/¹⁴N-markierte lithoautotroph gewachsene Zellen). Vor dem Mischen der Zellen wurden die jeweiligen Zellpellets in 3 ml PMSF-haltigem Phosphat-Puffer resuspendiert, 20 Minuten bei 6.000 x g und anschließend 5 Minuten bei 21.100 x g zentrifugiert und vom Überstand getrennt.

Die Mischung ^{14/15}N invers markierter Zellen sowie die Zellpellets zum Vergleich aerober und anaerober Lebensweise wurden in 3 ml PMSF-haltigen Phosphat-Puffer resuspendiert. Der Zellaufschluss erfolgte in 15 ml-Falcon-Röhrchen in drei Passagen bei 4,1 MPa (900 psi) in einer vorgekühlten French-Press Zelle (SLS Aminco, USA). Zur

Abtrennung der Zelltrümmer wurde der Überstand dreimal niedrigtourig zentrifugiert (3.500 x g, 20 min, 4°C) und in ein neues Falcon-Röhrchen überführt. Die Fraktionierung der Membran vom löslichen Extrakt geschah mittels Ultrazentrifugation (10.000 x g, 60 min, 4°C; Sorvall Combi Plus mit dem Festwinkelrotor T1270 [Thermo, USA]). Der resultierende Überstand bildete die lösliche Fraktion. Das rot-braune Membranpellet wurde mit 6 ml PMSF-haltigem Phosphat-Puffer dreimal gewaschen. Zur Entfernung jener löslicher Proteine, die locker an die Membran assoziiert waren (Pávková *et al.*, 2005; Fujiki *et al.*, 1982), wurden 800 µl einer eiskalten 0,1 molaren Natriumcarbonat-Lösung (pH 11) zugefügt (Carbonat-Extraktion). Nach 12-stündiger Inkubation auf Eis unter ständigem Rühren wurde die Probe erneut ultrazentrifugiert und das Pellet in PMSF-haltigem Phosphat-Puffer (2 ml) gewaschen. Zur Solubilisierung der Membranproteine wurde das Pellet mit 800 µl Lithiumdodecylsulfat-Lösung (10 mM Tris/HCl [pH 7,5], 10 mM Na-EDTA, 3 % [v/v] Glycerin, 2 % [w/v] Lithiumdodecylsulfat) resuspendiert und für 60 Minuten auf Eis unter ständigem Rühren inkubiert. Nach Ultrazentrifugation enthielt der Überstand die Membranfraktion, die – wie auch die lösliche Fraktion – bis zur weiteren Verwendung bei -20°C gelagert wurde. Um auch schwer zugängliche Proteine der (äußeren) Membran zu lösen, wurde das Pellet nach erneuter Resuspendierung in Lithiumdodecylsulfat zwei Minuten auf 90°C erhitzt und anschließend 30 Minuten bei 4°C auf dem Schüttler homogenisiert.

Ein in Abbildung 36 im Anhang dargestelltes SDS-Gel dokumentiert repräsentativ anhand der aufgetrennten Überstände der einzelnen Schritte der Membranfraktionsgewinnung die effektive Solubilisierung der in der Membran befindlichen Proteine unter Einsatz von Lithiumdodecylsulfat als Solubilisierungsdetergens. Lithiumdodecylsulfat ist ein sehr preiswertes Detergens, das als ionisches Molekül eine anschließende LCMS-Analyse der solubilisierten Proteine nicht beeinträchtigt. Lithiumdodecylsulfat wurde dem sonst gängigen Natriumdodecylsulfat vorgezogen, da das Lithiumsalz auch bei Temperaturen unter 4°C gelöst bleibt. Dies ermöglicht die Solubilisierung der Membranproteine in Kälte und beugt Proteindegradationen vor.

2.8.2 Bestimmung der Proteinkonzentration

Zur Bestimmung des Proteingehaltes der löslichen und der Membranfraktion wurde eine modifizierte Methode nach Bradford, 1976 angewandt. Rinderserumalbumin (SIGMA, USA) in einer 5 mg/ml-Stammlösung diente als Proteinstandard. Von den Proteinlösungen wurden jeweils 5 – 10 µl einer geeigneten Verdünnung (0,3 – 1 mg/ml)

mit 1 ml Bradford-Reagenz (70 mg SERVA Blau G250, 50 ml 96 % (w/v) Ethanol, 100 ml 85 % (w/v) H_3PO_4 , ad 1.000 ml A. bidest., 24 h Inkubation, Filtration, lichtgeschützte Lagerung bei 4°C) versetzt. Nach 5-minütiger Inkubation wurden je 200 μl der Ansätze in eine Mikrotiterplatte pipettiert und die Absorption gegen eine Nullprobe bei 595 nm mit Hilfe eines Plattenlesegerätes (SpectraMax 340; Molecular Devices, Kalifornien, USA) gemessen. Durch Vergleich der Absorption der Proteinproben mit denen der Standardkurve wurden die einzelnen Proteinkonzentrationen kalkuliert.

2.8.3 1D-GeLCMS

1D-PAGE Proteine der löslichen und Membranfraktion wurden unter denaturierenden Bedingungen per diskontinuierlicher PAGE nach Laemmli (1970) aufgetrennt. Das Gelsystem bestand aus einem 4 %-igen Sammelgel und einem 12,5 %-igen Trenngel, das in Form eines Minigels (10 x 8 x 0,1 cm) in der Vertikalgelkammer MTV-1 der Firma cti (Idstein, Deutschland) gegossen wurde. Der Vernetzungsgrad C aller Gele lag durch Verwendung eines Acrylamid/Bisacrylamidgemisches im Verhältnis 37,5:1 (Rotiphorese Gel 30; ROTH, Deutschland) bei 2,7 %. Als Laufpuffer diente eine Lösung bestehend aus 25 mM Tris/HCL (pH 8,3), 0,192 M Glycin und 0,1 % (w/v) SDS. Vor dem Beladen der Gele wurden die Proteinproben (25 μl) mit 1/5 Volumen 6-fach konzentriertem Probenpuffer (300 mM Tris-HCl [pH 6,8], 10 % [w/v] SDS, 40 % [v/v] Glycerin, 5 % [v/v] Mercaptoethanol, 0,1 % [w/v] Bromphenolblau) versetzt und für fünf Minuten im siedenden Wasserbad denaturiert. Die Elektrophorese erfolgte bei Raumtemperatur bei 40 mA pro Gel (Netzgerät ECPS 3 000/150; Amersham Pharmacia) und wurde deutlich vor dem Auslaufen der Proben aus dem Gel beendet.

Zum Anfärben der Proteine wurden die Gele in einer Coomassie-Färbelösung (42,5 % Ethanol, 10 % Essigsäure, 0,5 % Methanol, 0,2 % Coomassie Brilliant Blue R250 und 0,05 % Coomassie Brilliant Blue G250) für drei Minuten unter leichtem Schwenken inkubiert, zweimal für je 30 Minuten in Fixierlösung (25 % Methanol, 7 % Essigsäure) fixiert bzw. entfärbt und anschließend in A. bidest. über Nacht gewaschen.

Probenaufbereitung Für die Analyse mittels nano-LCMS wurde die Spur einer Proteinprobe mit einem sauberen Skalpell ausgeschnitten und gleichmäßig in 10 Gelstücke geteilt. Die Proteine wurden, wie durch Eymann *et al.* (2004) beschrieben, im Gel mit Trypsin verdaut und anschließend durch Ultraschall aus dem Gel extrahiert.

LCMS/MS und Datenbanksuche Der *In-gel*-Verdau der in den Gelstücken befindlichen Proteine und die anschließende Analyse (Auftrennung der Peptide durch nano-HPLC und deren massenspektrometrische Analyse unter Anwendung eines LTQ-

Orbitrap Massenspektrometers) wurde gemäß Wolff *et al.* (2008) durch die Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Hecker, Institut für Mikrobiologie, Ernst-Moritz-Arndt-Universität in Greifswald durchgeführt. Die Proteinidentifizierung in der ^{15}N -basierten Proteomstudie erfolgte mit dem Programm BioWorks™ Rev. 3.3.1 SP1 (Thermo Fischer Scientific, Waltham, MA) nach dem SEQUEST Algorithmus (v.28, rev. 12) unter Beachtung des metabolischen Einbaus von ^{14}N und ^{15}N . Dazu wurden die Ergebnisse der MS/MS-Scans auf Grundlage einer FASTA Proteindatenbank von *R. eutropha* H16 mit folgenden Suchparametern ausgewertet: Peptidmassentoleranz, 15 ppm; Fragmentionentoleranz, 1 amu; erlaubte Proteinmodifikation am Methionin (Oxidation, 15,99 Da). Zudem wurden nur tryptische Peptide für die folgenden Ladungszustände mit einem Xcorr von mindestens 1,90 für +1, 2,20 für +2 und 3,75 für +3 für die Proteinidentifizierung zugelassen. Weiterhin galten ein ΔCn von mindestens 0,08 und eine Ionisierung von nicht weniger als 50 %. Die Filter für den RSp Wert wurden auf vier und für die Aminosäuresequenzlänge auf sieben bis dreißig eingestellt. Proteine galten als signifikant identifiziert, wenn mindestens zwei Peptide (oben erwähnte Aminosäuremodifikationen wurden dabei nicht beachtet) zu einer Proteinidentifizierung führten. Für die markierungsfreie Proteomstudie erfolgte eine erste Proteinsuche unter Anwendung des kommerziellen Programms Sourcerer. Im Suchprofil fand eine mögliche Oxidation der Proteine am Methioninrest Beachtung. Die Ausgabe der Ergebnisse erfolgte in einem für das Programm Scaffold lesbaren Dateityp (.sfd). Die weitere Auswertung auch hinsichtlich der Proteinidentifizierung erfolgte unter Anwendung der Software Scaffold und ist unter 2.8.4 im Abschnitt „Relative Quantifizierung via *spectral counting*“ beschrieben.

2.8.4 Datenaufbereitung

Relative Quantifizierung via metabolischer Markierung Die Einzelergebnisse der Datenbanksuche, die einem der 10 Gelstücke einer Bande zugeordnet werden konnten, wurden im Folgenden mit DTASelect™ (Tabb *et al.*, 2002) zusammengefasst. Aus den resultierenden DTASelect-filter.txt Dateien wurden mit Hilfe eines eigens dafür geschriebenen Perlscriptes Peptid- und Proteinlisten extrahiert. Für die relative Proteinquantifizierung wurde das Programm ProRata 1.0 angewandt (Pan *et al.*, 2006). Basierend auf Rohmassenspektren und Peptididentifizierung erstellte ProRata ausgewählte Ionenchromatogramme für isotopologe Peptidpaare und berechnete aus der Signalstärke der chromatographische Peaks die Peptidmenge sowie das Signal-Rausch-Verhältnis. Schließlich wurde die relative Quantifizierung als Logarithmus zur

Basis 2 (\log_2) der Proteinmengenverhältnisse der isotopologen Proteinpaare in einem Bereich von -5 bis 5 ausgegeben. Zudem wurde das Vertrauensintervall bestimmt. Aus den Einzelquantifizierungen der drei technischen und zwei biologischen Replikate wurde der arithmetische Mittelwert berechnet. Proteine mit einem \log_2 -Wert im Betrag größer gleich eins wurden in dieser Arbeit als signifikant reguliert betrachtet.

Relative Quantifizierung via spectral counting Zur markierungsfreien Identifizierung und Quantifizierung der Proteine wurde die Software Scaffold (Version Scaffold_3.6.1, Proteome Software Inc., Portland, OR) herangezogen. Zunächst wurden die Protein- und Peptididentifizierungen basierend auf den Suchalgorithmen *PeptideProphet* und *ProteinProphet* (Schreiber *et al.*, 2007; Keller *et al.*, 2002) durchgeführt. Für die Peptididentifizierung hatten folgende Einstellungen Relevanz: $\Delta Cn > 0,10$, $Xcorr > 2,2$, 3,3 und 3,8 für doppelt, dreifach bzw. vierfach geladene Peptide sowie eine Wahrscheinlichkeit von mindestens 95%. Eine Proteinidentifizierung wurde akzeptiert, insofern mindestens zwei distinkte Peptide dem Protein eindeutig zugeordnet werden konnten. Lag für ein Protein in einem Experiment oder in einem Replikat dieses Experimentes eine entsprechende Proteinidentifizierung vor, wurde eine normalisierte Spektrenzahl (*normalized spectral count*, NSC) berechnet. Dazu wurde aus Scaffold der *Unweighted spectral count* mit und ohne Anwendung der Scaffold-Option *show lower scoring matches* exportiert. Der *Unweighted spectral count* ist eine ungewichtete Spektrenzahl, d.h. hier werden auch MS/MS-Spektren berücksichtigt, welche sich Peptiden zuordnen lassen, die auch in anderen Proteinen vorkommen. Die Scaffold-Option *show lower scoring matches* ermöglichte die Ausgabe von Spektrenzahlen, auch wenn einem Protein weniger als zwei Peptide eindeutig zuzuordnen waren. Die Berechnung des NSC erfolgte in einer Excel-Tabelle. Zur Normalisierung wurden die Spektrenzahlen zuerst durch die Summe aller Spektren in einem Experiment dividiert und anschließend mit dem Durchschnitt der Gesamtspektrenzahlen aller Experimente multipliziert. Im Falle replizierter Experimente wurden Proteine nur als signifikant identifiziert eingestuft, wenn mindestens zwei der drei Replikate zur Ausgabe eines NSC führten. Für die quantitative Aussage wurden die Mittelwerte der NSC der drei Replikate berechnet. Die resultierenden Werte aus der anaeroben Anzucht wurden ins Verhältnis zu denen aus der aeroben Anzucht gesetzt und anschließend der \log_2 -Wert ermittelt. Um auch quantitative Aussagen zu erhalten, wenn nur für eine Bedingung ein NSC ermittelt werden konnte, wurde für diese Bedingung der NSC pauschal auf 0,5 gesetzt. Zur statistischen Auswertung wurden die Daten einem einseitigen, ungepaarten *t*-Test

(heteroskedastisch) unterzogen (Zhang *et al.*, 2006). Als Signifikanz-Grenzwert wurde ein *p*-Wert kleiner gleich 0,05 gewählt.

2.9 Methoden der Transkriptanalyse

Die Expressionsanalyse ausgewählter Gene erfolgte über die relative Quantifizierung der entsprechenden Transkripte (mRNA) mittels quantitativer Reverse-Transkription-PCR (qRT-PCR). Das Prinzip der hier verwendeten qRT-PCR-Methode beruht auf der Einlagerung des Fluoreszenzfarbstoffes SYBR® Green in doppelsträngiger DNA. Die Fluoreszenz nimmt proportional mit der Menge der PCR-Produkte zu. Durch Erfassen der Fluoreszenz nach jedem PCR-Zyklus in Echtzeit (*real time*) konnten die Transkripte quantifiziert werden.

2.9.1 Primer zur Transkriptanalyse mittels qRT-PCR

Die für die Transkriptanalyse verwendeten Primerpaare sind in Tabelle 4 aufgeführt. Für das Primerdesign wurde das Programm Primer Express verwendet. Die Schmelztemperatur der Primer sollte dabei um 60°C liegen und die amplifizierbaren Bereiche zwischen den Primern ein DNA-Fragment einer Größe zwischen 50 und 150 bp ergeben. Die Primer wurden lyophilisiert bezogen, in 1/10 TE auf eine Konzentration von 100 pmol/μl (Stammlösung) und 10 pmol/μl (Arbeitslösung) gelöst. Stammlösung und Aliquote der Arbeitslösung wurden bei -20°C gelagert.

Tabelle 4 Primer zur Transkriptanalyse mittels qRT-PCR.

| Primerkürzel | Forward | Sequenz | Reverse | Sequenz |
|--------------|---------|-------------------------|---------|-----------------------------|
| <i>hoxK</i> | 101 | GGACTGGGACCTTCCTTCTG | 102 | GACCGTGCAGCCAAAGTACTG |
| <i>hoxF</i> | 441 | GCCCGGCACGTTCAAG | 442 | CATACGCGCGGATAACCATT |
| <i>gyrB</i> | 151 | GCCTGC ACCACCTTGTCTTC | 152 | TGT GGA TGG TGA CCT GGA TCT |
| <i>pdhA1</i> | 303 | CACGGCGTGCAGATGATC | 304 | GCGCGAGCGCATGTC |
| <i>A1373</i> | 305 | CTCTTTGCCAACCGTATTACC | 306 | GCTGGAGACCTGGTCCTTGTC |
| <i>A1372</i> | 307 | CGACATTCCCATCGTCTTTATCA | 308 | ACTCATCGAAGGGCTTTTCG |
| <i>hutH</i> | 633 | GCTGGCCTCCGAGAACAAG | 634 | CGACACATGGTCTTCCTGGTT |
| <i>hutU1</i> | 635 | GCCAGCTGCACTGCAAGA | 636 | GTCGAGGTGTTCTGGATCATG |
| <i>A3022</i> | 637 | TCGAGGCCCTGGAGATGA | 638 | AGCGCCCATGATGTCGTT |
| <i>frcR</i> | 643 | AGGTGGTGATGGTGGACTTTG | 644 | CAATGGTGCGGCACGA |
| <i>frcA</i> | 645 | TGAAGCGCTCAGCAACAT | 646 | CCCATCAGGGCATGGACTT |
| <i>frcK</i> | 647 | CGTCAAGATCTCCGACGAAGA | 648 | CCAGTGCCGCGTCGATAT |

2.9.2 Zellaufschluss und RNA-Isolation

Der Zellaufschluss und die Isolation der Gesamt-RNA erfolgten unter Verwendung des RiboPure-Bacteria Kits (Ambion) nach Herstellerangaben. Dazu wurden die Zellpellets (siehe Abschnitt 2.4) in 350 μl RNAwiz (Phenol-haltig) durch mehrfaches Pipettieren

resuspendiert, in Schraubröhrchen mit 250 µl Zirkonia Beads (Glaskügelchen) überführt und im Precellys 24-Homogenisator (Peqlab) zweimal bei 5.500 rpm, 3 x 30 s aufgeschlossen. Nach Zentrifugation (5 min, 13.000 x g, 4°C) wurde das Lysat durch Zugabe von 0,2 Volumen Chloroform und 10-minütiger Inkubation durch Zentrifugation (5 min, 12.000 x g, 4°C) in seine Phasen aufgetrennt. Die freigesetzte RNA in der wässrigen Phase wurde mit 0,5 Volumen absolutem Ethanol versetzt, auf einer Silicasäule mit Waschlösungen der Herstellerfirma gereinigt und mit 2 x 25 µl 95 °C-heißem Elutionspuffer eluiert. Auf die RNA-Isolation folgte ein DNase-Verdau zur Entfernung genomischer DNA. Hierfür wurde die RNA-Lösung 30 Minuten bei 37°C mit 2 Units/µl DNase in einfachkonzentriertem DNase-Puffer inkubiert (Inactivation Reagent, RiboPure-Bacteria Kit, Ambion). Zur Entfernung der DNase wurde das Inaktivierungsreagenz (20 % des Gesamtvolumens) zugegeben und für 2 min bei Raumtemperatur inkubiert. Nach Zentrifugation wurde der Überstand in ein neues RNase-freies Reaktionsgefäß überführt. Die Konzentration und die Qualität der RNA-Lösung wurden wie in Abschnitt 2.7.3 beschrieben bestimmt.

2.9.3 cDNA-Synthese mittels Reverser Transkriptase

Als Ausgangsmaterial der qRT-PCR dient cDNA. Diese wird in einem Reverse-Transkriptase-Schritt unter Verwendung des High Capacity RNA-to-cDNA Kits (Applied Biosystems) ausgehend von der Gesamt-RNA der Zellen hergestellt. Zu jeder cDNA-Synthese (+ RT) wurde ein Kontrollansatz (- RT) ohne Reverse Transkriptase mitgeführt, um später verbliebene DNA-Verunreinigungen auszuschließen. Standardmäßig wurde der folgende Ansatz für eine Reaktion (eine RNA-Probe) verwendet:

| Reagenzien | + RT | - RT |
|---------------------|-------------|---------------|
| 2 x Puffer | 20 µl | 5 µl |
| 2 x Enzym Mix | 2 µl | - |
| RNA Probe (4 µg) | bis zu 9 µl | bis zu 4,5 µl |
| RNase-freies Wasser | ad 40 µl | ad 10 µl |

Die Reverse-Transkriptase-Reaktion wurde im Thriller (Peqlab) mit folgendem Standard-Programm durchgeführt:

| | Schritt 1 | Schritt 2 | Schritt 3 |
|------------|-----------|-----------|-----------|
| Temperatur | 37°C | 95°C | 4°C |
| Zeit | 60 min | 5 min | ∞ |

Die cDNA wurde kurzfristig bis zum weiteren Gebrauch bei 4°C aufbewahrt und längerfristig bei -20°C gelagert.

2.9.4 qRT-PCR

Die qRT-PCR wurde mit Materialien, Reagenzien sowie Geräten der Firma Applied Biosystems im Cyclor 7500 durchgeführt. Als Farbstoff, der in doppelsträngige DNA interkaliert, wurde Power SYBR® Green eingesetzt. Als interne Referenz diente der Farbstoff ROX®, der im Probenmix enthalten war und ein kontinuierliches Fluoreszenzsignal abgab, gegen das die Fluoreszenz von SYBR® Green gemessen wurde. Diese Relativierung diente dem Ausgleich exogener Fluoreszenzeinträge.

Zur Gestaltung eines qRT-PCR-Experiments (Pipettierschema) und deren Auswertung wurde die Software 7500FastSDS verwendet. Für jedes zu untersuchende Gen wurde pro cDNA-Probe (+ RT und - RT) ein Mastermix angesetzt. Ein Mastermix für vier Reaktionen sah folgendermaßen aus:

| Reagenzien | Volumen |
|---------------------|----------|
| 2 x SYBR® Green | 50 µl |
| Primer 1(10 µM) | 5 µl |
| Primer 2(10 µM) | 5 µl |
| RNase-freies Wasser | ad 60 µl |

Nach Verdünnen der cDNA-Proben im Verhältnis 1:3 wurde eine MicroAmpFast 96-Well-Platte wie folgt bestückt. Je Well wurden 2 µl cDNA-Probe und 3 µl Mastermix pipettiert. qRT-PCR-Messungen von - RT-Proben wurden einfach und von + RT-Proben in Triplikaten vorgenommen. Als endogene Kontrolle wurde auf jeder Platte die *gyrB*-Expression gemessen. *gyrB* codiert für eine Gyrase-Untereinheit und wird, wie in der Studienjahresarbeit von Lütte (2008) für wachsende *R.-eutropha*-Zellen gezeigt, konstitutiv exprimiert.

Die Platten wurden mit einer Folie (MicroAmp® Optical Adhesive Film, Applied Biosystems) verschlossen und kurz zentrifugiert. Die qRT-PCR wurde im 7500 Fast Real Time PCR System (Applied Biosystems) mit der Herstellersoftware (7500 Fast System SDS) nach folgendem Protokoll durchgeführt:

| | Phase 1 | Phase 2 | Phase 3 | | Phase 4 | | |
|------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| | Schritt 1 | Schritt 2 | Schritt 3 | Schritt 4 | Schritt 5 | Schritt 6 | Schritt 7 |
| Temperatur | 50°C | 95°C | 95°C | 60°C | 95°C | 60°C | 95°C |
| Zeit | 2 min | 10 min | 15 sec | 1 min | 15 sec | 1 min | 15 sec |
| Zyklen | 1 | 1 | 40 | | 1 | | |

Dabei dient der zweiminütige Schritt in Phase 1 bei 50°C dem Abbau von eventuell noch vorhandenen DNA-Verunreinigungen durch die Uracil-N-Glycosylase. In der 2. Phase wird diese inaktiviert und gleichzeitig die AmpliTaq-Gold-DNA-Polymerase aktiviert (Enzyme sind im SYBR® Green enthalten). Nach der PCR-Reaktion (Phase 3 und 4) wird eine Schmelzkurvenanalyse durchgeführt, anhand derer die Fragmentlängen der PCR-Produkte bestimmt und dadurch die Spezifität der PCR eingeschätzt werden kann. Diese ist nötig, da SYBR® Green unspezifisch an jede doppelsträngige DNA bindet und somit auch Primerdimere detektiert werden. Die Schmelzkurvenanalyse erfolgte durch langsame und kontinuierliche Erhöhung der Temperatur auf 95°C und gleichzeitiger Fluoreszenzmessung. Spezifische PCR-Produkte haben dabei einen höheren Schmelzpunkt als unspezifisch entstehende Primerdimere.

2.9.5 Relative Quantifizierung

Die relative Quantifizierung erfolgte nach der $\Delta\Delta\text{ct}$ -Methode. Hierbei werden die Messergebnisse einer + RT-Probe zum einen mit der endogenen Kontrolle und zum anderen mit dem Kalibrator in Relation gesetzt. Als Grundlage dafür dient der Schwellenwert (ct-Wert, *cycle threshold*), bei dem die Fluoreszenz die Hintergrundstrahlung übersteigt. Für jede Probe wurde wie in Gleichung (1) dargestellt der Δct -Wert berechnet. Daraus lässt sich der $\Delta\Delta\text{ct}$ -Wert wie in Gleichung (2) berechnen. Der Kalibrator ist dabei jene Probe, die in der Expressionsanalyse als Referenz mitgeführt wurde (z.B. der Wildtyp). Die unterschiedliche Expression wird nun als n-fache Expression mit Hilfe des Logarithmus zur Basis 2 des $\Delta\Delta\text{ct}$ -Wertes angegeben.

$$(1) \quad \Delta\text{ct} = \text{ct (Probe)} - \text{ct (Endogene Kontrolle)}$$

$$(2) \quad \Delta\Delta\text{ct} = \Delta\text{ct (Probe)} - \Delta\text{ct (Kalibrator)}$$

$$(3) \quad \text{RQ} = 2^{(-\Delta\Delta\text{ct})}$$

2.9.6 Effizienzkontrolle der Primer

Der Vergleich von qRT-PCR-Experimenten mit verschiedenen Primerpaaren untereinander verlangt vergleichbare Primereffizienzen. Der Genexpressionsanalyse ging daher eine PCR-Effizienzkontrolle der zu verwendenden Primerpaare voraus. Dem lag folgende Überlegung zu Grunde: Bei optimaler Effizienz sollte sich in der exponentiellen Phase mit jedem Zyklus die Menge des Amplifikats verdoppeln. Um dies zu überprüfen wurde eine qRT-PCR mit einer seriellen cDNA-Verdünnung und den zu untersuchenden Primerpaaren durchgeführt. Bei serieller 10-fach Verdünnung der cDNA-Menge sollte dabei zwischen den Verdünnungen eine Verschiebung der ct-Werte

um 3,32 ($=\log_2 10$) Zyklen auftreten. Folgende cDNA-Serie wurde eingesetzt: 1:5, 1:25, 1:125. Die erhaltenen ct-Werte ergaben eine Standardkurve beim Auftragen des ct-Wertes gegen den Logarithmus der Konzentration. Aus der Steigung der Standardkurve ergab sich die Primereffizienz. In Abhängigkeit von der Menge an mRNA des Detektorgens im Ansatz überstieg die typisch sigmoide Fluoreszenzkurve den Schwellenwert im Zyklus des ct-Wertes. Dieser Wert war umso niedriger, je größer die Menge an mRNA im Ansatz war. Über die ct-Werte ließen sich die Genexpressionen anschließend relativ quantifizieren. Proben wurden verworfen, wenn der ct-Wert einer Probe nicht mindestens fünf Zyklen kleiner war als der ct-Wert einer Kontrolle. Die untersuchten Primerpaare wiesen Effizienzen zwischen 96 und 105 % auf. Im Falle einer 100 %-igen Effizienz der PCR (optimal) verdoppelt sich mit jedem Zyklus die DNA-Produktmenge bzw. das Fluoreszenzsignal.

2.10 Konstruktion einer *In-frame*-Deletion in *gloR*

2.10.1 Primer

Die für die Konstruktion und Kontrolle der Deletionsmutante verwendeten Primer sind in Tabelle 5 aufgeführt.

Tabelle 5 Für die Konstruktion einer *gloR*-Deletionsmutante verwendete Primer. Farblich hervorgehoben sind die Schnittstellen der später verwendeten Restriktionsenzyme.

| Primerbezeichnung | Sequenz |
|-----------------------------|---|
| # 165 pLO3 for ^a | ATCATCGATAAGCTTTAAT |
| # 166 pLO3 re ^a | TAATCTCATGACCAAA |
| 151_RR_A1372fw_Xba | CAG TCTAG ATTCTTCAGCACCAAGTCCGAC |
| 152_RR_A1372rev_Xba | CTG TCTAG ATGGCGCTGCTGTCGCTGTTTCG |
| 153_A1372for | GCAGCTCGGACTCATCGAAGG |
| 154_A1372re-SbfI | CTG CCTGCAGG GGTGCTGGAAAGCCTGGATGC |

^a Primer zur Amplifikation der in der MCS von pLO3 klonierten Fragmente.

2.10.2 Konstruktion von pCH1681

Zur Konstruktion einer *gloR*-Deletionsmutante wurde zunächst die *gloR*-Genregion unter Einsatz der Primer 151_RR_A1372fw_Xba und 152_RR_A1372rev_Xba amplifiziert. Der PCR-Ansatz zur Amplifikation hatte folgende Zusammensetzung:

| Reagenzien | Volumen |
|--------------------------------------|----------|
| Gesamt-DNA (<i>R. eutropha</i> H16) | 5 µl |
| 10 x Amp Puffer | 5 µl |
| 50 mM MgSO ₄ | 1 µl |
| 10 mM dNTPs | 1 µl |
| 151_RR_A1372fw_Xba | 0,5 µl |
| 152_RR_A1372rev_Xba | 0,5 µl |
| Enhancer | 5 µl |
| Platinum® <i>Pfx</i> DNA Polymerase | 0,5 µl |
| A. bidest. | ad 50 µl |

Die PCR verlief in Form einer *Touch-down*-PCR wie folgt: Nach der initialen DNA-Denaturierung (2 min, 94°C) wurden 35 Zyklen bestehend aus einem einminütigen Denaturierungsschritt bei 94°C, einem Annealingschritt für 30 Sekunden und einem Elongationsschritt für drei Minuten bei 68°C durchlaufen. Die Annealingtemperatur lag anfänglich bei 65°C und wurde nach jeweils sieben Zyklen um zwei Grad bis auf 57°C erniedrigt. Abschließend erfolgte ein Elongationsschritt über fünf Minuten.

Das erhaltene 1.518 bp große PCR-Fragment und der Vektor pCH720 wurden im Folgenden jeweils im 25 µl Ansatz *Xba*I-verdaut und anschließend miteinander ligiert. Aus der Ligation ging der Vektor pCH1678 hervor, der zur *In-vivo*-Amplifikation in den *E.-coli*-Stamm JM109 durch Transformation eingebracht wurde.

Durch *Xho*I/*Sal*I-Restriktionsverdau und anschließender Religation wurde das 633 bp lange Gen *gloR* um 423 bp verkürzt. Die im Leseraster befindliche Deletion umfasst die vollständige DNA-Bindedomäne sowie putative Phosphorylierungs- und Dimerisierungsstellen des Response Regulators. Die verkürzte Genregion im Plasmid wurde schließlich über *Fsp*I/*Sna*BI-Schnittstellen in den *Sma*I-geschnittenen Suizidvektor pLO3 (Lenz & Friedrich, 1998) umklont. Es entstand der Vektor pCH1680. pLO3 besitzt die genetische Information für eine Tetracyclinresistenz und trägt das Gen für die Laevan-Saccharase (*sacB*). Zudem ist er für den Plasmidtransfer von *E. coli* S17-1 nach *R. eutropha* mobilisierbar (*mob+*). Nach Konjugation kann pLO3 jedoch nur durch Integration in das Genom von *R. eutropha* stabil replizieren. Um die Integration durch homologe Rekombination zu erleichtern, wurde ausgehend vom pCH1680 der Bereich stromaufwärts des *gloR*-Startcodon erweitert. Hierzu wurde das mit den Primern 153_A1372for und 154_A1372re-SbfI generierte PCR-Fragment (PCR-Bedingungen wie oben beschrieben) nach einem *Ale*I/*Asc*I-Restriktionsverdau mit dem ebenso geschnittenen Vektor pCH1680 ligiert. Der konstruierte Vektor pCH1681 wurde

zur anschließenden Konjugation mit *R. eutropha* in den Stamm S17-1 durch Transformation eingebracht.

2.10.3 Konjugation und homologe Rekombination

Die Konjugation von pCH1681 in *R. eutropha* erfolgte wie in Abschnitt 2.7.9.2 beschrieben. Hervorgegangene *R. eutropha*-Zellen mit integriertem Suizidplasmid wurden im Folgenden in 10 ml LSLB-Medium ohne Antibiotikum bei 30°C über Nacht angezogen. Nach Ernte und Waschen in 5 ml Phosphat-Puffer wurden die Zellen in geeigneten Verdünnungsstufen auf LSLB plus 15 % (w/v) Saccharose ausplattiert. Klone, die weiterhin das *sacB*-Gen enthielten, konnten durch die enzymatische Aktivität der Laevan-Saccharase nicht wachsen. Zellen, die den konditional-letalen Plasmidteil hingegen durch eine zweite Rekombination verloren hatten, wurden nicht im Wachstum inhibiert. Diese Konjuganten wurden auf Succinatplatten gereinigt, auf ihre ursprüngliche Empfindlichkeit gegenüber Tetracyclin und anschließend via PCR auf die gewünschte Deletion hin untersucht.

2.11 Vorhersage der Proteinlokalisierung

Für die Vorhersage der Proteinlokalisierung wurden die folgenden frei erhältlichen Programme genutzt.

- (I) PSORTb Version 2.0 (www.psорт.org/psортb/index.html, Gardy *et al.*, 2003) – Unter Verwendung mehrerer Algorithmen werden Vorhersagen zur Lokalisation von Proteinen im Cytoplasma, Periplasma, extrazellulären Raum und der inneren und äußeren Membran getroffen.
- (II) Zur Vorhersage speziell von Lipoproteinen wurde das Programm LipoP (Juncker *et al.*, 2003) verwendet. Die Ausgabe enthält Angaben, ob *Leader*-Sequenzen der Signalpeptidase I oder II gefunden worden sind.
- (III) Die Suche nach Proteinen mit Transmembranhelices (TMHs) wurde durch Anwendung von TMHMM (Sonnhammer *et al.*, 1998) erweitert. TMHMM und LipoP sind Teil des Vorhersageservices des *Center for Biological Sequence Analysis* der Technischen Universität Dänemarks (www.cbs.dtu.dk).

Anmerkung Nach Santoni *et al.* (2000) beschreibt der Begriff "Membranprotein" ein Protein, das mit der Zellmembran assoziiert ist. In gram-negativen Bakterien wie *R. eutropha* besteht die Zellmembran aus drei Schichten: Die innere Membran, die äußere Membran und das dazwischen liegende Periplasma. In dieser Arbeit wurden daher alle Proteine, deren *In-silico*-Analyse eine dementsprechende Lokalisation ergab (PSORTb: Lokalisation in der inneren oder äußeren Membran, LipoP: *Leader*-Sequenz


der Signalpeptidase II, TMHMM: ein oder mehrere TMHs) als Membranproteine klassifiziert.

2.12 Weitere verwendete Softwareprogramme

Virtuelle 2D-Gele wurden mit dem freien Programm JVirGel 2.0 erstellt (Hiller *et al.*, 2006). Die Angabe zum isoelektrischen Punkt (pI) eines jeden Proteins wurde von DTASelect übernommen. Datenbankvergleiche wurden mit dem Programm BLAST (Altschul *et al.*, 1990; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) durchgeführt.

Sequenzvergleiche wurden mit Hilfe von ClustalW2 (Thompson *et al.*, 1994; <http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>) erstellt. Die Angaben zur Aminosäuresequenzidentität speziell von NarK1/2 sowie NarI1/2 wurden unter Zuhilfenahme der Software SIAS (<http://imed.med.ucm.es/Tools/sias.html>) ermittelt, wobei *gaps* (Leerstellen, Lücken) in der Berechnung Berücksichtigung fanden (Zahl der identischen Positionen geteilt durch die Länge des Alignments).

Die Annotation von Proteindomänen basierte auf der Suche in der *Conserved Domain Database (CDD)* des NCBI Servers (Marchler-Bauer *et al.*, 2011).

Für die vergleichende Darstellung von Genregionen, die Erstellung von DNA-Matrizen und die DNA-Matrix-Suche im Genom von *R. eutropha* H16 wurde das von Dr. Cramm erstellte Programm GeneSOAP (https://www2.hu-berlin.de/biologie/microbio/genomics/pr_genesoap.htm) herangezogen. Die Vorhersage von Operonstrukturen wurde der *Prokaryotic Operon DataBase* (ProOpDB, <http://operons.ibt.unam.mx/OperonPredictor>, Price *et al.*, 2005) entnommen (Taboada *et al.*, 2012). Die grafische Darstellung von Konsensussequenzen erfolgte mit dem webbasierten Tool  (<http://weblogo.berkeley.edu/>, Crooks *et al.*, 2004).

3. Ergebnisse

Die vorliegende Arbeit war in das vom BMBF geförderte Projekt „GenoMik-Plus“, dem Nachfolgeprogramm des Initialprojektes „GenoMik – Genomforschung an Mikroorganismen“, eingegliedert. Unter dem Motto *From Genomes to Functions to Products* stellte sich „BiotechGenoMik“ der Aufgabe, Bakterienstämme mit biotechnologischem Potential im Zuge der Postgenom-Ära näher zu charakterisieren und damit die Basis für zielgerichtete Veränderungen des Metabolismus zugunsten erwünschter Produkte zu legen. Das biotechnologische Potential des fakultativ chemolithoautotrophen Stammes *R. eutropha* H16 reicht dabei von der Produktion Isotopen-markierter Biomoleküle über die Generierung biologisch abbaubarer Kunststoffe bis hin zum Einsatz in der Trinkwasseraufbereitung. Grundlage hierbei ist sowohl die Fähigkeit des Organismus zur lithoautotrophen Lebensweise als auch seine denitrifizierende Eigenschaft. Die Proteomik ist die Methode der Wahl, globale Zusammenhänge unter physiologisch streng definierten Bedingungen auf molekularer Ebene zu studieren. Sie wurde daher für die eingehende Charakterisierung der lithoautotrophen und anaeroben Lebensweise des Organismus herangezogen. Die qualitativen und quantitativen Daten beider Proteomstudien sind in Tabelle 8 im Anhang zusammengefasst. In Abschnitt 3.1 bzw. Abschnitt 3.2 wurden die entsprechenden Ergebnisse im physiologischen Kontext betrachtet. Abschnitt 3.3 widmet sich der Charakterisierung eines in beiden Proteomstudien nachgewiesenen Zweikomponentensystems.

3.1 Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise

Erste Erkenntnisse zum Proteinbestand lithoautotroph gewachsener *R.-eutropha*-Zellen lieferte die Proteomarbeit von Schwartz *et al.* (2009). Mittels 2D-Gelanalyse wurde das Proteom von exponentiell wachsenden Schüttelkulturen, die auf den Substraten H_2/CO_2 , Succinat und Glycerin wuchsen, untersucht. Insgesamt konnten 292 Proteine identifiziert werden. Die quantitative Auswertung ergab beim Wachstum mit H_2/CO_2 ein ähnliches Regulationsmuster wie beim Wachstum auf Glycerin. Auch im Vergleich zu Succinat wiesen die Zellen – mit wenigen Ausnahmen – kaum Unterschiede im Proteinbestand auf. Bedingt durch die Methode wurden in dieser Studie wenige Membranproteine identifiziert. Doch gerade die Untersuchung der Membran, als Ort einer Vielzahl von Energie- und Transportprozessen, ist von zentraler Bedeutung bei der Untersuchung divergenter Ernährungsweisen.

Um ein möglichst umfassendes Bild vom Proteinbestand der Zellen zu erhalten, setzte die Proteomstudie in der vorliegenden Arbeit durch den Einsatz der LCMS im Hochdurchsatz-Verfahren neben der Analyse der löslichen insbesondere auf die Untersuchung der Membranfraktion und der darin befindlichen Membranproteine. Kombiniert mit der metabolischen Proteinmarkierung durch die stabilen Isotope ^{14}N und ^{15}N konnte das Proteom zweier zu vergleichender Proben simultan analysiert und quantifiziert werden. Die grundlegenden Schritte der experimentellen Vorgehensweise zur qualitativen Erfassung der Proteine sind schematisch in Abbildung 5 dargestellt.

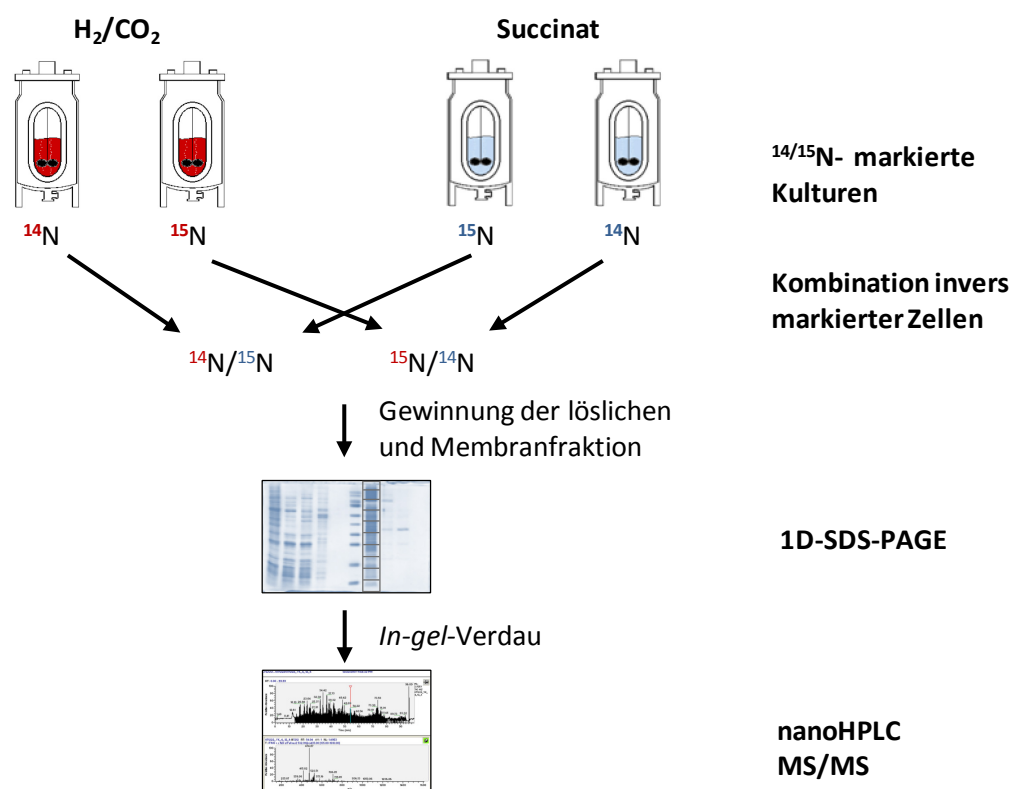


Abbildung 5 Experimentelle Vorgehensweise zur Erfassung des Gesamtproteoms. Invers Isotopenmarkierte Zellen der H_2/CO_2 - und Succinat-Anzucht wurden im Massenverhältnis von 1 : 1 gemischt. Nach Zellaufschluss und Präparation der löslichen und Membranfraktion wurden die enthaltenen Proteine über eine 1D-SDS-PAGE aufgetrennt. Jede Gelspur wurde quer zur Laufrichtung in 10 gleich große Gelstücke geschnitten und die darin enthaltenen Proteine mit Trypsin verdaut. Die hervorgegangenen Peptide wurden mittels nano-HPLC aufgetrennt und massenspektrometrisch analysiert. Die Methode ermöglicht es, sowohl lösliche als auch Membranproteine im *Shotgun*-Verfahren zu identifizieren und zu quantifizieren.

Als Referenzbedingung für den lithoautotrophen Stoffwechsel wurde das Wachstum auf Succinat gewählt. Je Kultivierungsbedingung wurden zwei invers metabolisch markierte, biologische Replikate erstellt und kombiniert mit der entsprechend zu vergleichenden Probe in je drei technischen Replikaten analysiert.

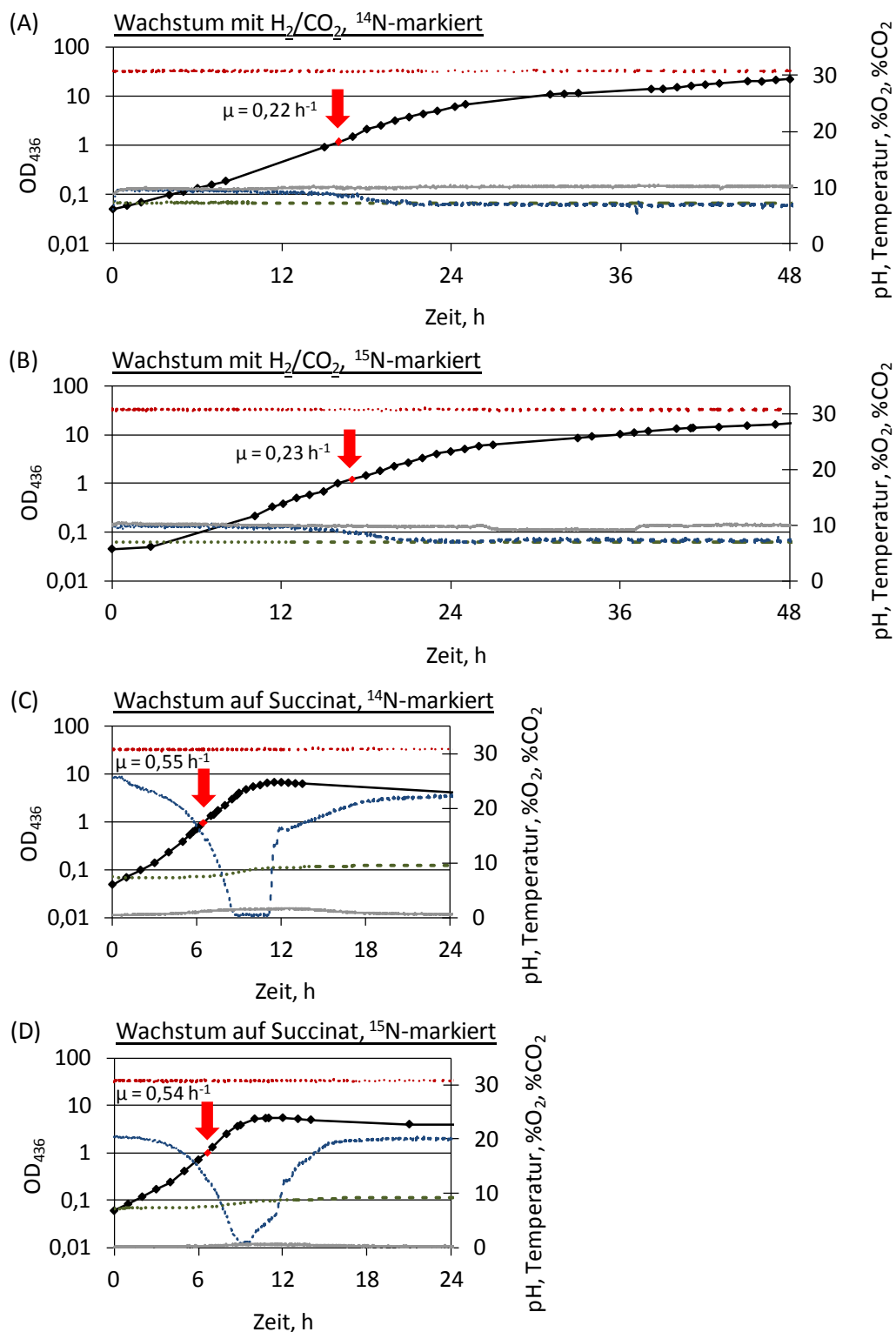
3.1.1 Reproduzierbare Proteomdaten erfordern kontrollierte Kultivierungsbedingungen

Ein entscheidendes Kriterium für die Reproduzierbarkeit von Proteomdaten sind kontrollierte Kultivierungsbedingungen (Elias *et al.*, 2008). Um diesem Kriterium gerecht zu werden, erfolgte die Zellanzucht in einem 10-Liter-Bioreaktor, der es erlaubte, Temperatur, Rührgeschwindigkeit, O₂- und CO₂-Konzentration sowie den pH-Wert *online* zu messen und zu steuern. Abbildung 6 zeigt die Wachstumskurven der ¹⁴N- und ¹⁵N-markierten Kulturen beim Wachstum mit H₂/CO₂ sowie auf Succinat.

Als Erntepunkt wurde analog zur 2D-Gel-Studie von Schwartz *et al.* (2009) eine OD₄₃₆ von eins gewählt, bei der sich die Zellen unter beiden Kulturbedingungen in der Phase des exponentiellen Wachstums befanden. Der O₂-Gehalt lag bei 10 % und der pH-Wert bei 7,5. Die mittlere exponentielle Wachstumsrate bei Probenentnahme betrug auf Succinat 0,54 pro Stunde mit einer Verdopplungszeit von ca. einer Stunde und fünfzehn Minuten und bei der Anzucht mit H₂/CO₂ 0,22 pro Stunde mit einer Verdopplungszeit von ca. drei Stunden. Neben der Vergleichbarkeit mit der 2D-Gel-Proteomstudie von Schwartz *et al.* (2009) war Succinat anderen heterotrophen Substraten wie Fructose oder Acetat als Referenzbedingung vorzuziehen, da es als bevorzugte Energie- und Kohlenstoffquelle die Expression der Hydrogenasegene stark reprimiert (Friedrich *et al.*, 1981).

Vor der Auswertung der Proteomdaten hinsichtlich funktioneller Aspekte wurden die Daten anhand der Varianz der vorliegenden Replikate auf deren Aussagekraft hin bewertet. Es wurde untersucht, inwieweit (I) sich die Proteinidentifizierungen durch technische und biologische Replikate validieren ließen und (II) die relativen Proteinquantifizierungen der invers markierten biologischen Replikate miteinander übereinstimmten. Die Untersuchung zur Zuverlässigkeit der Proteinidentifizierung ergab, dass 98 % aller Proteine in der löslichen und 96 % aller Proteine in der Membranfraktion in mindestens zwei der insgesamt sechs Messungen, bestehend aus zwei biologischen und drei technischen Replikaten, identifiziert wurden (Abbildung 7).

Über zwei Drittel der Proteinidentifizierungen konnten durch vier oder mehr Messungen verifiziert werden. Die Proteinidentifizierungen basieren demzufolge auf einer robusten Datengrundlage. Zur Einschätzung der Qualität der Proteinquantifizierungen wurde eine Scatter Plot Analyse der beiden invers markierten biologischen Replikate (¹⁴N/¹⁵N und ¹⁵N/¹⁴N) durchgeführt (siehe Abbildung 8).



Legende:

\bullet OD_{436} , \cdots Temperatur ($^{\circ}C$), \cdots pH-Wert, \cdots CO_2 -Konzentration (%), \cdots O_2 -Konzentration (%)

Abbildung 6 Wachstumskurven der ^{14}N - und ^{15}N -markierten Kulturen von *R. eutropha* H16. Die Zellen wurden mit H_2/CO_2 (A, B) sowie auf Succinat (C, D) angezogen. Dazu wurde das Medium auf eine Anfangs- OD_{436} von 0,05 angeimpft. Die roten Pfeile kennzeichnen die Punkte der Probenentnahme in der exponentiellen Phase bei einer OD_{436} von eins. Die Wachstumsrate μ zum Erntezeitpunkt ist links neben dem Pfeil notiert. Die Wachstumskurven zeigten auch nach Probenentnahme die typischen Phasen einer statischen Kultur.

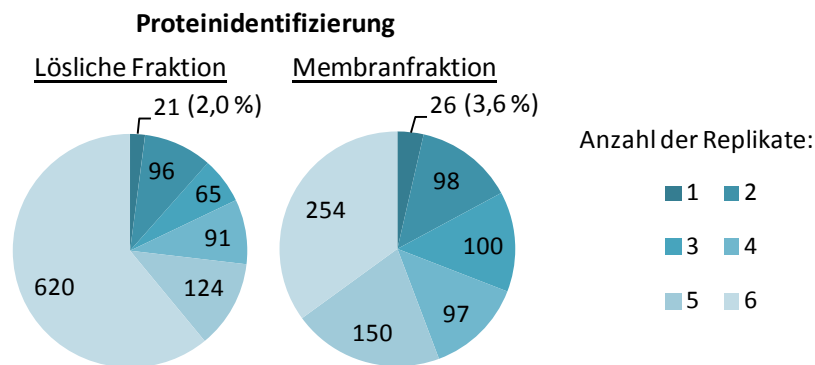
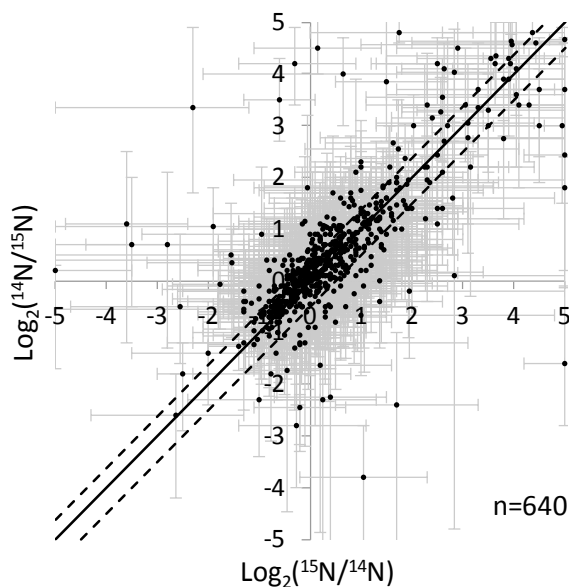


Abbildung 7 Validierung der Proteinidentifizierung durch biologische und technische Replikate. Dargestellt sind die Zahlen der identifizierten Proteine in Bezug auf die Anzahl der Replikate, die in der löslichen und Membranfraktion zur Identifizierung führten. Für beide Fraktionen gilt: Die Identifizierung von über 96 % der detektierten Proteine wurden in mindestens zwei Replikaten verifiziert.

(A) Lösliche Fraktion



(B) Membranfraktion

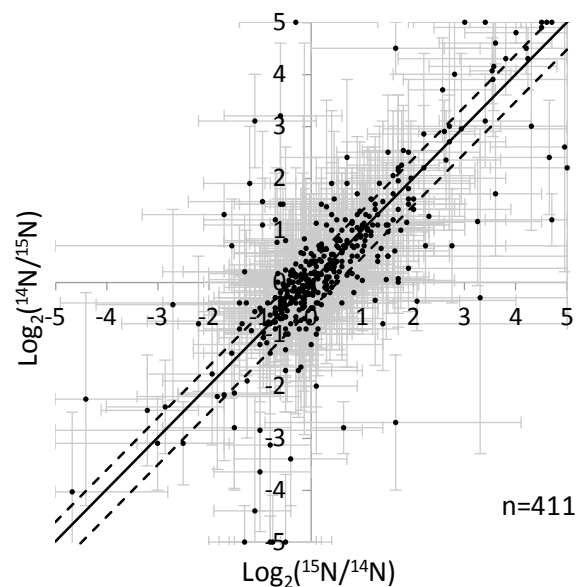


Abbildung 8 Scatter Plot Analyse der invers markierten Experimente. Für zwei voneinander unabhängige biologische Experimente wurde der Proteinbestand ausgehend von invers markierten Zellen einer H_2/CO_2 - bzw. einer Succinat-Anzucht über 1D-GeLCMS in drei technischen Replikaten analysiert. Die $\log_2 R$ -Werte der invers markierten Experimente wurden gegeneinander (A) für die lösliche Fraktion und (B) für die Membranfraktion aufgetragen und mit den unteren und oberen Grenzen der jeweiligen Vertrauensintervalle versehen (graue Balken). Bei mehr als einem $\log_2 R$ pro biologischem Replikat wurde das arithmetische Mittel gebildet und das Vertrauensintervall um die äußersten Grenzen der Einzelwerte erweitert. Die Zahl der in beiden Experimenten quantifizierten Proteine n ist für jede Fraktion im IV. Quadranten vermerkt. Eine perfekte Korrelation zwischen beiden Experimenten zeigt die durchgängige Linie. Eine Abweichung von 30 % ist markiert durch gestrichelte Linien.

Die Abweichung der Log_2R -Werte invers markierter Proteine lag dabei für fast 70 % der Proteine unter 30 %. Dies reflektierte eine ausgeprägte Korrelation der Log_2R -Werte beider biologischen Replikate. Es lag folglich eine solide biologische und experimentelle Reproduzierbarkeit der Daten vor, die im Folgenden aussagekräftige Befunde über die biologische Variabilität als Funktion der untersuchten Kultivierungsbedingungen erlaubt und nicht zuletzt auf die kontrollierte Handhabung während der Zellanzucht zurückzuführen ist.

3.1.2 Proteine mit mehr als zwei transmembranen Helices kommen ausschließlich in der Membranfraktion vor

Die Proteomanalyse ergab einen Datensatz von insgesamt 1.452 identifizierten Proteinen (siehe Tabelle 8 im Anhang), von denen mit 1.174 Proteinen über 80 % quantifiziert wurden. 1.017 Proteine konnten in der löslichen Fraktion und 725 in der Membranfraktion nachgewiesen werden. Wie im Venn-Diagramm von Abbildung 9 verdeutlicht, betrug die Identifizierungsschnittmenge beider Fraktionen 290 Proteine.

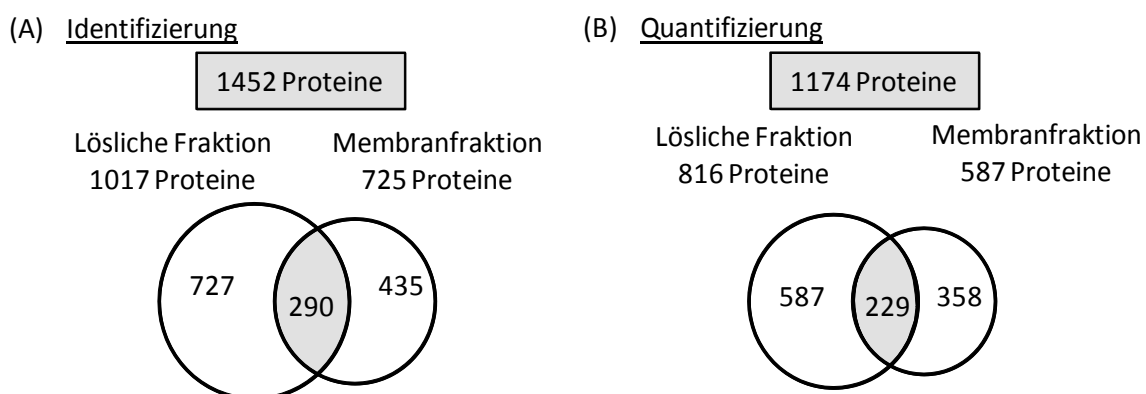


Abbildung 9 Venn-Diagramm zur Datengrundlage der Proteomstudie. Für die lösliche und Membranfraktion ist die Anzahl der Proteinidentifizierung (A) und -quantifizierung (B) unter Angabe der gemeinsamen Schnittmenge der Daten in beiden Fraktionen veranschaulicht.

Dies entspricht einer Redundanz von 20 %. Die Zahl der Identifizierungen erweiterte sich demnach durch das Miteinbeziehen der Membranfraktion in die Proteomanalyse um 435 Proteine. Dies verdeutlicht die Relevanz der Analyse der Membranfraktion bei dem Ziel, ein umfassendes Proteinprofil zu erstellen.

Inwieweit es sich dabei um Membranproteine handelt, sollte die Vorhersage der Proteinlokalisierung im Zuge einer sequenzbasierten *In-silico*-Analyse aller theoretisch im Genom codierten Proteine klären (siehe Abschnitt 2.11). Danach ließ sich für 1.842 (28 %) der im Genom codierten Proteine eine Membranlokalisierung zusprechen. Ihr

Anteil in der Membranfraktion lag bei mehr als 40 % (300 Proteine). Die Analyse der löslichen Fraktion offerierte mit 91 Proteinen nur einen Anteil von knapp 10 % an Membranproteinen.

Fast vier Fünftel (1.457) der für Membranproteine codierenden Gene besaß eine oder mehrere Transmembranhelices (TMHs). 354 der entsprechenden Proteine konnten in dieser Arbeit detektiert werden. In Abbildung 10 ist die Anzahl der identifizierten Membranproteine, geordnet nach den pro Protein enthaltenen TMHs, dargestellt.

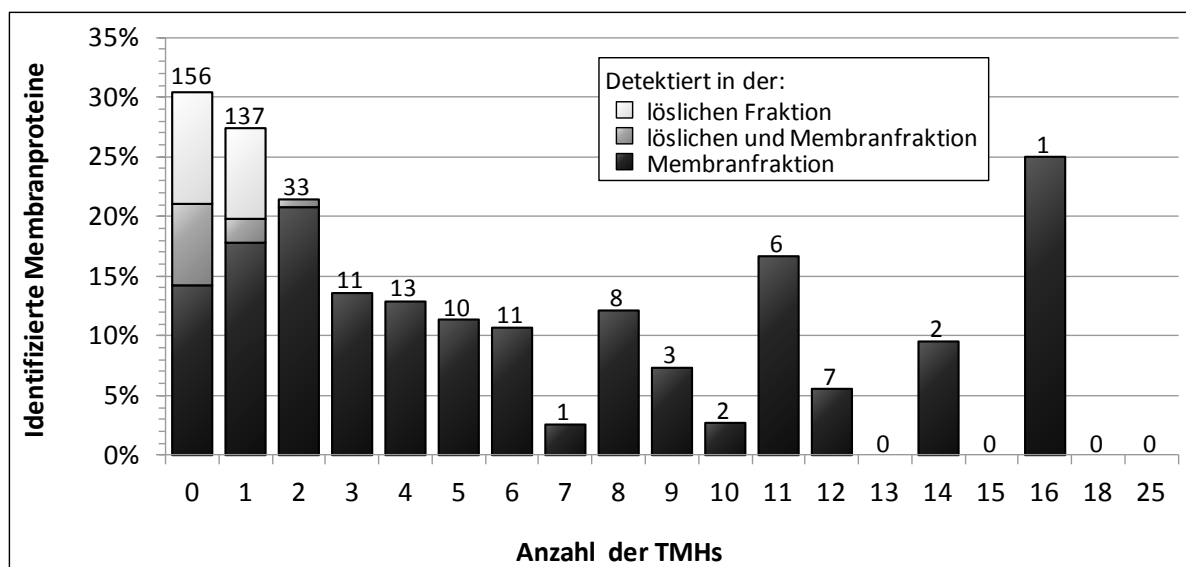


Abbildung 10 Identifizierung von Membranproteinen. Entsprechend der Zahl der im Protein enthaltenen TMHs (x-Achse) ist (I) die absolute Zahl an Identifizierungen (über den Balken) und (II) der prozentuale Anteil (y-Achse) der identifizierten Membranproteine bezogen auf alle codierten Membranproteine angegeben. Weiße und graue Balken stehen für Proteine, die exklusiv in der löslichen (weiß) bzw. in der löslichen als auch Membranfraktion (grau) gefunden wurden. Schwarze Balken kennzeichnen Proteine, die ausschließlich in der Membranfraktion detektiert wurden. Sie umfassten 67 % der identifizierten Membranproteine.

Alle Membranproteine mit mehr als zwei TMHs (75 Proteine) wurden ausschließlich in der Membranfraktion gefunden. Folglich hat sich die Strategie, Lithiumdodecylsulfat für die Solubilisierung von Membranproteinen einzusetzen und diese über 1D-GeLCMS zu analysieren, hinsichtlich der Identifizierung von Membranproteinen bewährt. Damit verfügt die Methode über das Potential, neue Einblicke in das Membrankomplement lithoautotroph wachsender Knallgas-Bakterien zu offenbaren.

3.1.3 H₂/CO₂-basiertes Wachstum bedarf eines erhöhten Proteininventars

Die relative Proteinquantifizierung basierte auf dem Vergleich der Peakintensitäten im extrahierten Ionenchromatogramm der ¹⁴N- und ¹⁵N-markierten Peptide. Von dem sich

daraus ergebenden Proteinmengenverhältnis für den Vergleich H_2/CO_2 vs. Succinat wurde der Logarithmus zur Basis zwei ($\log_2(H_2/CO_2 \text{ vs. Succinat})$, $\log_2 R$) ausgegeben. Das Intervall war dabei auf -5 bis 5 festgelegt, wobei die Intervallgrenzen einer 32-fachen Regulation entsprechen. Als signifikant reguliert wurden Proteine mit einem $\log_2 R$ im Betrag größer als eins, d.h. mehr als der doppelten Proteinmenge, eingestuft. Abbildung 11 gibt einen Überblick über das Regulationsprofil der quantifizierten Proteine.

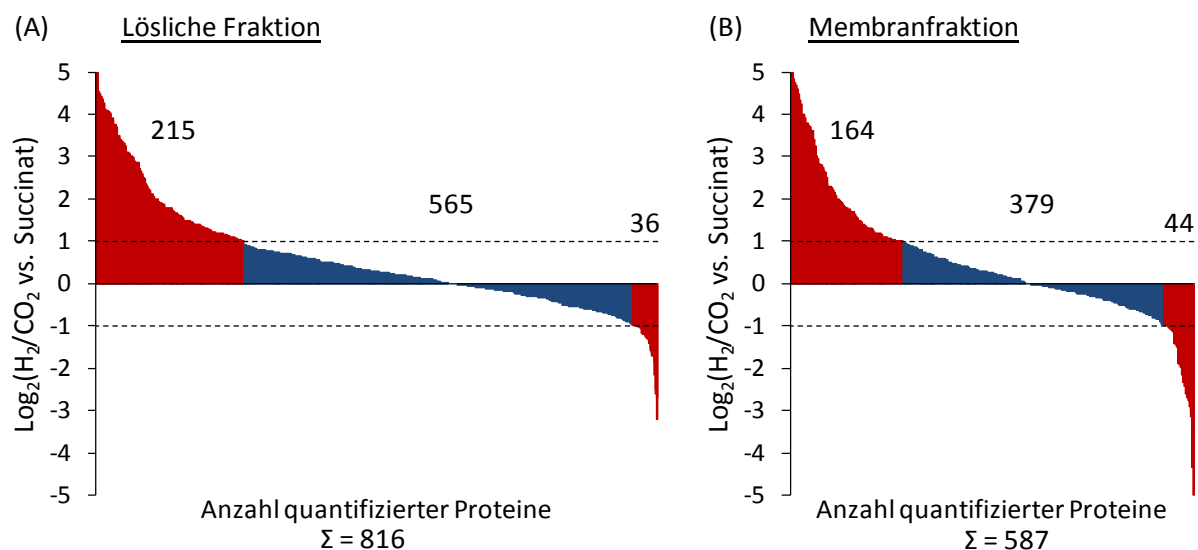


Abbildung 11 Anordnung aller $\log_2 R$ -Werte entsprechend ihrer Größe. Die Proteinquantifizierung erfolgte durch den Vergleich der Peakintensitäten der ^{14}N - und ^{15}N -markierten Peptide. Ausgegeben wurde der Logarithmus zur Basis zwei ($\log_2(H_2/CO_2 \text{ vs. Succinat})$, $\log_2 R$) im Intervall von -5 bis 5, wobei die Intervallgrenzen einer 32-fachen Regulation entsprachen. Signifikant regulierte Proteine ($\log_2 R > 1$) sind rot markiert. Unter lithoautotrophen Bedingungen waren deutlich mehr Proteine hochreguliert als beim Wachstum auf Succinat.

Annähernd 30 % der Proteine waren unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliert, wohingegen weniger als 5 % in der löslichen Fraktion und etwa 7,5 % in der Membranfraktion in den auf Succinat gewachsenen Zellen signifikant höhere Mengen aufwiesen.

Da unter lithoautotrophen Bedingungen die Verdopplungszeit fast doppelt so groß war wie unter organoheterotrophen Bedingungen (siehe Abbildung 6), ergab sich die Frage, inwieweit eine Proteinabundanz auf Unterschiede im Wachstumsverhalten speziell der Wachstumsraten der miteinander verglichenen Kulturen zurückzuführen sein könnte. Zu den Proteinen, die wachstumsabhängige Unterschiede im Proteinprofil aufzeigen können, gehören ribosomale Proteine, DNA-abhängige RNA-Polymerase, Elongationsfaktoren der Transkription und Translation sowie tRNA-Synthetasen (Scott *et al.*, 2010). Sie zeigten in den mit H_2/CO_2 und auf Succinat gewachsenen Zellen ein

größtenteils ähnliches Regulationsprofil. Beispielhaft sind dazu alle im Genom von *R. eutropha* H16 codierten tRNA-Synthasen und deren Regulationsprofil in Tabelle 9 im Anhang aufgelistet. Bis auf drei der zweiundzwanzig quantifizierten Proteine besaßen alle einen Log_2R im Betrag deutlich kleiner als eins und galten damit als nicht reguliert. Eine wachstumsratenabhängige Regulation der quantifizierten Proteine konnte daher weitestgehend ausgeschlossen werden. Aus den in Abbildung 11 dargestellten Regulationsprofilen ließ sich schlussfolgern, dass das Wachstum mit H_2/CO_2 als Kohlenstoff- und Energiequelle eines deutlich höheren Proteinbestands in Qualität und Quantität bedarf, als das Wachstum auf Succinat.

3.1.4 Die drei Replikons haben unterschiedliche Expressionsaktivitäten

Die Anzahl der identifizierten Proteine deckte nahezu 22 % der im Genom vorliegenden Gene ab. Die jeweilige Abdeckung von Chromosom 1, Chromosom 2 und pHG1 variierte dabei stark. Eine Übersicht der auf den drei Replikons codierten und in der Proteomanalyse identifizierten Proteine ist der Tabelle 10 im Anhang zu entnehmen. Eine grafische Zusammenfassung ist in Abbildung 12 wiedergegeben.

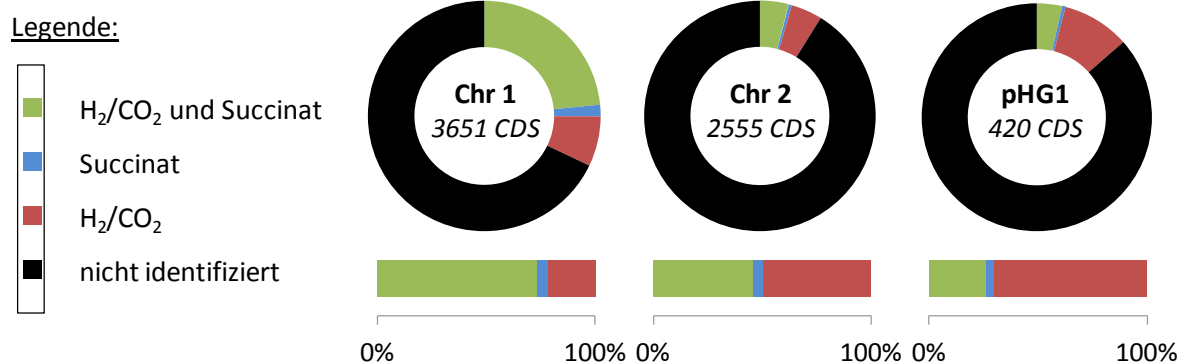


Abbildung 12 Abdeckung der drei Replikons mit Genen, deren entsprechende Proteine identifiziert wurden. Schwarz – Gene nicht detektierter Proteine. Grün – Gene, deren Proteine ausschließlich in mit H_2/CO_2 gewachsenen Zellen detektiert wurden. Rot – Gene, deren Proteine ausschließlich in auf Succinat gewachsenen Zellen detektiert wurden. Blau – Gene, deren Produkte unter beiden Wachstumsbedingungen identifiziert werden konnten. Die Balken unterhalb der Zirkel stellen die Gesamtheit der identifizierten Proteine bezogen auf jedes Replikon im größeren Maßstab dar.

Die höchste Expressionsaktivität wies mit 32 % Chromosom 1 auf. Für annähernd drei Viertel der Chromosom-1-codierten Gene wurden die Proteine unter den beiden zu vergleichenden Bedingungen detektiert. Im Gegensatz dazu wurden lediglich 9 % sowie 14 % der theoretischen Genprodukte von Chromosom 2 bzw. dem Megaplasmid pHG1 identifiziert. Hierbei erreichte die Menge der ausschließlich in lithoautotroph gewachsenen Zellen identifizierten Proteine einen Anteil von 49 % bezogen auf

Chromosom 2 respektive 70 % bezogen auf pHG1. Ähnliche Relationen wurden auch in der 2D-Gel-basierten Untersuchung beobachtet (Schwartz *et al.*, 2009). Sie bekräftigen die Bedeutung des Megaplasמידs für das Leben mit H_2/CO_2 in dem Sinne, dass es eine Vielzahl an exprimierten Komponenten codiert.

3.1.5 Proteine mit unbekannter Funktion stellen einen Großteil der vorliegenden Proteine dar

Bei der Auswertung der Ergebnisse erwies sich eine Einordnung der Proteine in funktionelle Klassen als sinnvoll. Die Klassifizierung erfolgte in Anlehnung an jene von Pohlmann *et al.* (2006) (Abbildung 13).

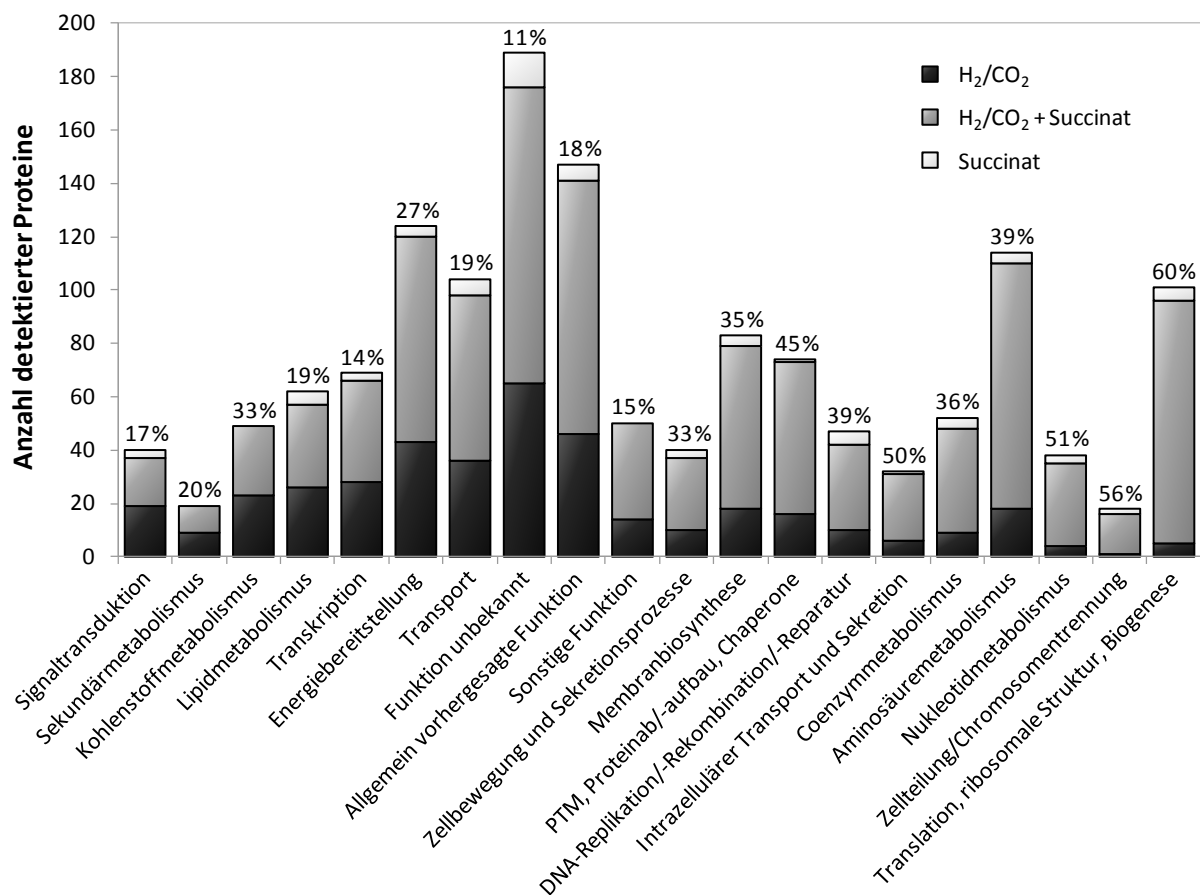


Abbildung 13 Klassifizierung der identifizierten Proteine nach Funktion. Die Balken sind unterteilt nach dem Proteinanteil, der lediglich in auf Succinat-Zellen (hellgrau), lediglich in lithoautotroph gewachsenen Zellen (schwarz) oder in beiden (dunkelgrau) detektiert wurde. Die Funktionsgruppen sind mit abfallendem Prozentanteil an ausschließlich unter lithoautotrophen Bedingungen detektierten Proteinen von links nach rechts angeordnet. Die Zahlen über den Balken geben die Relation der Identifizierungen zur genomischen Kapazität an. Mit einem Anteil von 23 % besaß mehr als ein Fünftel der identifizierten Proteine eine unbekannte oder nur allgemein vorhergesagte Funktion. Klassifizierung nach Pohlmann *et al.* (2006). PTM, posttranslationale Modifikation.

Die Funktionen eines Großteils (23 %) der identifizierten Proteine fielen in die beiden Kategorien „Funktion unbekannt“ (189 Proteine) und „allgemein vorhergesagte Funktion“ (147 Proteine). Weiterhin dominierten die Funktionskategorien „Energiebereitstellung“ (124 Proteine), „Transport“ (104 Proteine) und „Aminosäuremetabolismus“ (114 Protein). In letzterer wie auch in den Kategorien „Nukleotidmetabolismus“, „Translation, ribosomale Struktur und Biogenese“ sowie „Zellteilung/Chromosomentrennung“ konnten über 80 % der Proteine unter beiden Bedingungen gefunden werden. Der Anteil nur unter Succinat gefundener Proteine lag mit insgesamt 72 von 1.452 Proteinen unter 5 %. Die funktionelle Gruppierung zeigte, dass speziell im Sekundär- und Kohlenstoffmetabolismus keine zusätzlichen Funktionen unter Succinat präsent waren. Anders verhielt es sich mit den lediglich unter lithoautotrophen Bedingungen detektierten Proteinen. In den Gruppen „Sekundärmetabolismus“, „Kohlenstoffmetabolismus“ und „Signaltransduktion“ betrug der Anteil der ausschließlich unter lithoautotrophen Bedingungen identifizierten Proteine fast 50 %, was die Bedeutung dieser drei Gruppen für den lithoautotrophen Stoffwechsel verdeutlicht.

3.1.6 Die Enzyme der H₂-Oxidation und CO₂-Fixierung gehören zu den am stärksten hochregulierten Proteinen

Wie in der Gruppe der aeroben H₂-Bakterien charakteristisch, nutzt auch *R. eutropha* den CBB-Zyklus zur CO₂-Assimilation (Bowien & Schlegel, 1981). Das Schlüsselenzym Ribulose-1,5-bisphosphat-Carboxylase/-Oxygenase (RuBisCO) ist mit den anderen Enzymen des CBB-Zyklus, bis auf die Triosephosphat-Isomerase (Tim, H16_A1047) und Ribose-5-phosphatisomerase (RpiA, H16_A2345), in duplizierten *cbb*-Operons auf Chromosom 2 und dem Megaplasmid codiert (Bowien & Kusian, 2002; Kusian & Bowien, 1997). Mit Ausnahme der kleinen RuBisCO-Untereinheit (CbbS) mit einer Molekülmasse von 16 kDa und der Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase (CbbG, 36 kDa) wurden alle Genprodukte der zwei *cbb*-Gencluster identifiziert und mit Log₂R-Werten über eins quantifiziert. Der Transkriptionsaktivator CbbR konnte nicht identifiziert werden. Tim und RpiA lagen als Enzyme des zentralen Kohlenstoffmetabolismus unter den beiden untersuchten Bedingungen in etwa gleichen Mengen vor.

Die für die Fixierung von CO₂ benötigte Energie kann *R. eutropha* (I) aus der Oxidation von H₂ im Zuge einer chemolithoautotrophen Lebensweise und (II) durch die organoautotrophe Nutzung von Formiat als Energiequelle (Grunwald *et al.*, 2014; Friedrich *et al.*, 1979) beziehen. Von den energiekonservierenden Enzymen der H₂-

Oxidation, MBH und SH, wurden alle Untereinheiten in Zellen aus lithoautotropher Anzucht identifiziert. Sie zählten mit 20-fach (SH) und 13-fach (MBH) höheren Mengen verglichen mit den Zellen aus heterotropher Anzucht zu den am stärksten regulierten Proteinen. Ähnliche Werte wiesen auch die Maturationsproteine der Hydrogenasen auf. Sie waren um das 20-fache (SH-Maturationsmaschinerie) und achtfache (MBH-Maturationsmaschinerie) hochreguliert. Bezüglich der RH und dem Zweikomponentensystem HoxA/J konnten bis auf HoxB alle Untereinheiten identifiziert und mit einer fünffachen Hochregulation quantifiziert werden. HoxC wurde in beiden Fraktionen signifikant detektiert. HoxJ und HoxA lagen ausschließlich in der Membranfraktion vor. Die erst kürzlich beschriebene vierte Hydrogenase (PHG064, PHG065) wurde nicht detektiert (Schäfer *et al.*, 2013).

Für die Formiatoxidation stehen dem Organismus eine lösliche, NAD⁺-abhängige Formiat-Dehydrogenase (S-FDH) und mindestens drei membrangebundene Enzyme (M-FDH), welche die Elektronen über Chinol in die Atmungskette einspeisen, zur Verfügung. Eine Zusammenfassung der qualitativen und quantitativen Daten hinsichtlich der Formiat-Dehydrogenasen ist in Tabelle 11 im Anhang wiedergegeben. Die lösliche Formiat-Dehydrogenase wurde nicht detektiert. Hingegen konnten Komponenten der membranständigen Fdh1 und Fdo detektiert und quantifiziert werden. Sie waren beim Wachstum mit H₂/CO₂ hochreguliert. Dasselbe Regulationsprofil zeigten zwei weitere Genprodukte (CbbB und H16_A3292), die der katalytischen Untereinheit der FDH ähneln, in deren genetischer Nachbarschaft jedoch keine weiteren Gene für FDH-spezifische Funktionen codieren. Zudem konnte das FDH-spezifische Chaperon TorD (H16_A2939) mit einem Log₂R von 1,4 nachgewiesen werden. Die Komponenten einer potentiellen Fdh2 (H16_B1470, H16_B1471) wurden nicht identifiziert.

Die Genomannotation von *R. eutropha* ergab verschiedene Cluster, die ähnlich zu dem *soxB*CD-Operon von *Starkeya novella* (Kappler *et al.*, 2001) sind und vermutlich Gene für das lithoautotrophe Wachstum durch Oxidation von Schwefel enthalten (Friedrich *et al.*, 2000). In der vorliegenden Proteomstudie konnten eine Komponente der Schwefelbindenden Untereinheit (SoxZ, H16_A3568) und der Thiosulfat-oxidierende Komplex (SoxAX, H16_A3565/66) identifiziert werden. Mit Log₂R-Werten zwischen 0,7 und 0,9 zeigten sie keine signifikant erhöhte Mengen.

Die bakterielle CO₂-Fixierung ist ein NADH-abhängiger Prozess. Andere anabolische Prozesse benötigen als Reduktionmittel NADPH. NADPH kann durch NAD(P)⁺-Transhydrogenasen bereitgestellt werden. Sie katalysieren den Protonen-Transfer von NADH auf NADP⁺ getrieben durch die protonenmotorische Kraft an der Membran. Für

R. eutropha wurden die Gene für drei heterotrimere, membrangebundene NAD(P)⁺-Transhydrogenasen (*pntAabB1*, *pntAabB2* und *pntAabB3*) und ein viertes vermutlich lösliches Enzym (*pntAB4*) postuliert (Cramm, 2009). Die Untereinheiten einer der membrangebundenen Enzyme (PntAa3, PntB3) konnten identifiziert und mit Log₂R-Werten über zwei als unter H₂/CO₂-Bedingungen abundant vorliegend eingestuft werden.

3.1.7 Beim Leben mit H₂ liegen Cytochrom-Oxidasen induziert vor

Beim Wechsel von der heterotrophen zur lithoautotrophen Lebensweise muss der Organismus seine Atmungskette von einem organischen auf einen anorganischen Elektronendonator umstellen. Die Art des terminalen Elektronenakzeptors blieb mit O₂ in den beiden Anzuchten gleich. Die Übertragung der Elektronen auf O₂ im letzten Schritt der Atmungskette wird durch terminale Oxidasen katalysiert. Die Expression von drei (*cta*, *cco* und *cyo1*) der insgesamt acht im Genom von *R. eutropha* für terminale Oxidasen codierenden Gene konnte unter den beiden Bedingungen nachgewiesen werden. Dabei zeigten die Untereinheiten der Cytochrom-Oxidasen Cta mit um 2,5-fach und Cco mit 2,2-fach bis 3,6-fach höhere Mengen unter H₂/CO₂-Bedingungen. Dagegen lagen die Untereinheiten der Chinol-Oxidase Cyo1 in geringeren Mengen (3,8- bis 6,8-fache Runterregulation) vor.

3.1.8 Die Enzyme zur Synthese von Speicherstoffen sind stark präsent

R. eutropha gilt als Modellorganismus der PHB-Synthese (Reinecke & Steinbüchel, 2009). Diverse wachstumslimitierende Bedingungen induzieren die PHB-Synthese und Speicherung; aber auch in exponentiell wachsenden Zellen wurde PHB nachgewiesen (Du *et al.*, 2001). In der 2D-Gel-basierten Studie von Schwartz *et al.* (2009) konnten die ersten beiden Enzyme der PHB-Synthese PhaA und PhaB identifiziert werden.

In Tabelle 12 (siehe Anhang) ist der Identifizierungs- und Quantifizierungsstatus der Proteine des PHB-Metabolismus zusammengestellt. Die Schlüsselenzyme der PHB-Synthese sind die β -Ketoacyl-CoA-Thiolase PhaA, die NADPH-abhängigen β -Ketoacyl-CoA-Reduktasen PhaB1, PhaB2 und PhaB3 und die PHA-Synthase PhaC1. Alle Enzyme wurden identifiziert und mit Ausnahme von PhaB3 mit einem Log₂R über eins quantifiziert. Auch für einige der Homologe konnte eine Abundanz verzeichnet werden. Drei der insgesamt 14 PhaA-Isologen zeigten ebenso Log₂R-Werte über eins. Zwei weitere wurden lediglich unter lithoautotrophen Bedingungen detektiert. Auch ein Großteil der PhaB-Homologe wurde entweder nur unter lithoautotrophen Bedingungen

detektiert oder zeigte lithoautotroph erhöhte Regulationswerte. Die alternative PHA-Synthase PhaC2 wurde nicht gefunden. Von den fünf bekannten Phasinen waren mit Ausnahme von PhaP1 alle mit Log₂R-Werten größer gleich 2,5 quantifiziert worden. Die Enzyme des PHB-Abbaus PhaZ (PHB-Depolymerase) und PhaY (PHB-Oligomerhydrolase) wurden hingegen weder quantifiziert noch detektiert.

Im Genom von *R. eutropha* finden sich weitere Gene für die Bildung von Speicherstoffen. Cyanophycin ist ein nicht-ribosomal synthetisiertes Aminosäurepolymer, aufgebaut aus einem Aspartatrückgrat und Seitenketten aus Arginin. Zwei Cyanophycin-Synthetasen, CphA (H16_A0774) und CphA' (H16_A0775), liegen im Genom auf Chromosom 1 in unmittelbarer Nachbarschaft codiert vor. Das Gen für eine Cyanophycinase (CphB, H16_B1013) befindet sich auf Chromosom 2. CphA war unter beiden untersuchten Bedingungen in ähnlichen Mengen nachweisbar. CphA' hingegen wies in lithoautotroph gewachsenen Zellen erhöhte Mengen auf. Der Log₂R lag hierbei in der löslichen Fraktion bei 1,6 und in der Membranfraktion bei 4,6. Die Cyanophycinase CphB konnte unter keiner der untersuchten Bedingungen identifiziert werden.

3.1.9 Die Aconitase-Isoenzyme werden divergent reguliert

Vorstufen für die Bildung der beiden Cyanophycin-Bestandteile Aspartat und Arginin sind Oxalacetat bzw. α -Ketoglutarat, zwei Intermediate des TCA-Zyklus. Werden sie dem TCA-Zyklus entnommen, müssen sie durch sogenannte anaplerotische Reaktionen aus C3-Körpern wieder aufgefüllt werden. Der PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knoten steht für eine Reihe von enzymatischen Reaktionen hinsichtlich der C3-Körper Phosphoenolpyruvat (PEP) und Pyruvat sowie dem C4-Intermediat des TCA-Zyklus Oxalacetat. Im Zuge einer anaplerotischen Reaktion kann aus PEP und Pyruvat durch die PEP-Carboxylase Ppc bzw. Pyruvat-Carboxylase Pyc Oxalacetat gebildet werden. Als drittes Enzym steht dem Organismus die PEP-Carboxykinase Pcpk zur Verfügung, die ebenfalls die anaplerotische Reaktion von PEP zu Oxalacetat katalysiert. In Abbildung 37 im Anhang ist das Regulationsprofil der Enzyme des PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knotens sowie der Enzyme des TCA-Zyklus grafisch zusammengefasst. Bezüglich des PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knotens wurden in mit H₂/CO₂ sowie in auf Succinat gewachsenen Zellen die PEP-Carboxylase und PEP-Carboxykinase identifiziert. Die PEP-Carboxylase zeigte sich unter beiden Bedingungen gleich stark präsent. Die PEP-Carboxykinase war unter H₂/CO₂-Bedingungen mehr als zweifach hochreguliert. Weitere Unterschiede im zentralen Kohlenstoffmetabolismus beschränkten sich auf vier Enzyme: (I) die etwa

zweifach runterregulierte Pyruvat-Dehydrogenase, (II) eine sechsfach hochregulierte Malat-Synthase (AceB) und (III+IV) die zwei divergent regulierten Aconitase-Isoenzyme (AcnA – dreifach hochreguliert, AcnB – fünffach runterreguliert).

3.1.10 Systeme zur Erhöhung der Zellmotilität sind hochreguliert

Unter lithoautotrophen Bedingungen zeigten Proteine, die in der Flagellenbildung und in der Chemotaxis involviert sind, Abundanz. Hierzu zählten das Filamentprotein der Flagellen FliC (H16_B2360) und die Motorproteine MotA (H16_B0237) und MotB (H16_B0238). Sie waren mehr als zweifach unter H_2/CO_2 hochreguliert. Von den Proteinen des Chemotaxisregulationssystems waren CheV (H16_B2240), CheW3 (H16_B0231), CheA1 (H16_B0239) und CheY1 (H16_B0244) und vier der 11 MCPs (*methyl-accepting chemotactic proteins*) hochreguliert. Weiterhin war der putative Sensor der Aerotaxis (H16_B1038), der dem Aer aus *E. coli* ähnlich ist, in lithoautotrophen Zellen stark präsent. Von Aer ist bekannt, dass es in der Kontrolle von Redoxveränderungen innerhalb der Elektronentransportkette involviert ist (Taylor, 2007). Ein ähnliches Regulationsprofil zeigten Proteine, die an der Vermittlung von *twitching motility*, einer besonderen Form der bakteriellen Oberflächenfortbewegung (Mattick, 2002), beteiligt sind. So waren Komponenten der Synthese (PilN, PHG351), der Sekretion (PilB, H16_A3255) und Bildung (PilU, H16_A3103; PilT1, H16_A3104) von Typ-IV-Pili unter lithoautotrophen Bedingungen zweifach induziert. Im Gegensatz dazu lagen Proteine der unspezifischen Oberflächenadhäsion durch Flp-ähnliche Pili (CpaB3, H16_A0981; CpaC3, H16_A0982; CpaF3, H16_A0983; TadB2, H16_A0984; TadC2, H16_A0985 und TadG2a, H16_A0987) in deutlich geringeren Mengen unter lithoautotrophen Bedingungen vor.

3.1.11 RpoD2 ist der Haushalts-Sigma-Faktor bei lithoautotropher Lebensweise

Der Transkriptionsfaktor Sigma (σ) ist eine Untereinheit der RNA-Polymerase von Eubakterien, die die Promotorregion vor einem Gen erkennt und durch Bindung die Transkriptionsinitiation einleiten kann. Viele Mikroorganismen besitzen einen sogenannten Haushalts-Sigma-Faktor und eine variierende Anzahl von alternativen Sigma-Faktoren mit unterschiedlichen Erkennungssequenzen und damit eigenen Genregulons. Im Genom von *R. eutropha* liegen 11 alternative Sigma-Faktoren und zwei Homologe des Haushalts-Sigma-Faktors RpoD aus *E. coli* codiert vor. Fünf Sigma-Faktoren konnten in der vorliegenden Proteomstudie identifiziert werden. Sowohl in Zellen der H_2/CO_2 - als auch der Succinat-Anzucht waren die beiden Homologe RpoD1

(H16_A1626) und RpoD2 (H16_A2725) präsent. Es war ein entgegengesetztes Regulationsprofil zu beobachten. RpoD1 war fast dreifach in Zellen der Succinat-Anzucht hochreguliert ($\text{Log}_2R = -1,5$), wohingegen RpoD2 in mit H_2/CO_2 -gewachsenen Zellen in doppelter Menge ($\text{Log}_2R = 1,1$) vorlag. Es ist bekannt, dass in der Expression der Hydrogenasegene sowohl σ^D als auch σ^N (RpoN, H16_A0387) involviert sind (Schwartz *et al.*, 1998; Warrelmann *et al.*, 1992). RpoN wie auch der Sigma-Faktor der Flagellensynthese FliA (H16_B0256) konnten in dieser Studie lediglich unter H_2/CO_2 -Bedingungen detektiert werden. Weiterhin zeigte der alternative Sigma-Faktor σ^E (RpoE1, H16_A2563) unter H_2/CO_2 -Bedingungen eine 3,5-fache Hochregulation.

3.1.12 Beim Wachstum mit H_2/CO_2 werden viele Transportsysteme gebildet

Aus der funktionellen Gruppierung aller identifizierten Proteine (siehe Abbildung 13) geht hervor, dass über 100 Proteine (104 Proteine) in Transportprozessen involviert sind. Damit wurde für fast ein Fünftel der 548 im Genom repräsentierten Gene mit Funktionen im Transport eine Expression nachgewiesen. Für 99 der identifizierten Proteine liegen quantitative Daten vor. Als dominant traten hierbei die Symporter GltP1 (H16_A0299) und GltP2 (H16_A0693) zweier Natrium-Dicarboxylat-Transporter auf. Ihre Log_2R -Werte lagen bei -2,8 bzw. -4,4. Sie waren damit beim Wachstum auf Succinat stark hochreguliert und sind vermutlich für dessen Import unter heterotrophen Bedingungen verantwortlich.

Für den Substrattransport über ABC-Transporter liegen im Genom Informationen für 76 Systeme vor. Komponenten von 34 Transportern konnten identifiziert werden. Qualitative Daten liegen für 24 Systeme vor: 13 ABC-Transporter waren lithoautotroph hochreguliert, vier wurden in etwa gleichen Mengen gebildet und sieben wurden lithoautotroph runterreguliert. Bezüglich der lithoautotroph hochregulierten Transporter waren acht an der Aufnahme von Aminosäuren beteiligt. Zwei gehören der PAAT-Familie für die Aufnahme polarer Aminosäuren an und sechs lassen sich der HAAT-Familie für die Aufnahme hydrophober Aminosäuren zuordnen.

R. eutropha verfügt zudem über eine Vielzahl (156) von Genen für extracytoplasmatische Rezeptorproteine (*extracytoplasmic solute receptors*) (Pohlmann *et al.*, 2006). Sie werden zumeist einzeln, d.h. ohne genetischen Zusammenhang zu einem Transporter, codiert. 27 von ihnen konnten identifiziert und 21 quantifiziert werden. Die Mehrheit (14 Proteine) wurde beim Wachstum mit H_2/CO_2 hochreguliert.

Für die Sekretion von Proteinen in das Periplasma gram-negativer Bakterien ist u. a. das Sec-Transportsystem verantwortlich (Saier, 2006). Bis auf die beiden kleinen

Untereinheiten des membranständigen Komplexes, SecE (H16_A3503, 14 kDa) und SecG (H16_A1048, 12 kDa), wurden alle Sec-Proteine (SecB, SecD, SecF, SecA, SecY) identifiziert. Sie zeigten keine Regulationsunterschiede. Das TatABC-System vermittelt einen Sec-unabhängigen Proteintransport und ist in *R. eutropha* bei der Translokation der Hydrogenase beteiligt (Schubert *et al.*, 2007). Nur TatA (H16_A3405) wurde identifiziert und zeigte sich unter beiden Bedingungen als gleich präsent ($\text{Log}_2R = 0,2$). Komponenten eines weiteren Sec-unabhängigen Proteinsekretionssystems (H16_B2416/2428/2432-2434) konnten unter H_2/CO_2 -Bedingungen als stark hochreguliert nachgewiesen werden ($\text{Log}_2R > 3$).

3.1.13 Das Zweikomponentensystem H16_A1372/73 besitzt ein bemerkenswertes Regulationsprofil

Von insgesamt 142 im Genom als Histidin-Kinase oder Response Regulator annotierten putativen Proteinen von Zweikomponentensystemen wurden 24 identifiziert und 17 (12 Response Regulatoren und fünf Histidin-Kinasen) quantifiziert. Das Ergebnis der Quantifizierung ist in Form der x-fachen Proteinmenge unter lithoautotrophen Bedingungen im Vergleich zu Succinatbedingungen in Abbildung 14 dargestellt.

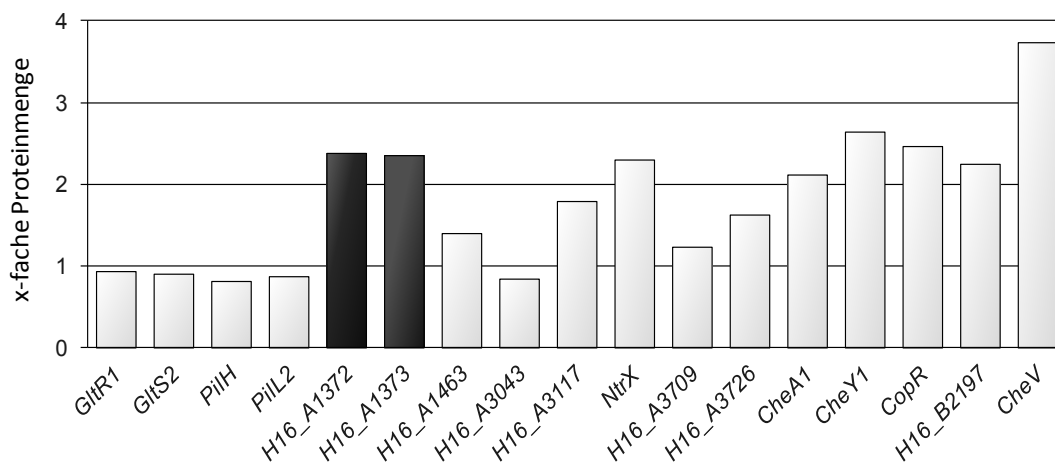


Abbildung 14 Regulationsprofil der quantifizierten Zweikomponentensystem-Proteine. Dargestellt ist die x-fache Proteinmenge in lithoautotroph verglichen zu heterotroph gewachsenen Zellen. Anordnung von links nach rechts mit aufsteigendem LocusTag. Neben CheA1 und CheY1 ist das putative Zweikomponentensystem H16_A1372/73 (schwarze Balken) das einzige, von dem der Response Regulator und die Histidin-Kinase hochreguliert waren.

Zu den in etwa gleichen Mengen vorkommenden Komponenten gehörten GltR1 und GltS2 als Bestandteile zweier distinkter C4-Dicarboxylat-Transportsysteme (Pohlmann *et al.*, 2006) sowie PilH und PilL2, die zum chemosensorischen Regulationssystem gehören und die Typ-IV-Pili-Biosynthese und *twitching motility* kontrollieren (Kato *et*

al., 2008; Pohlmann *et al.*, 2006) als auch fünf funktionell nicht näher charakterisierte Proteine (H16_A1463, H16_A3043, H16_A3117, H16_A3709 und H16_A3726).

Als reguliert konnten acht Proteine eingestuft werden. Die Hochregulation der in die Chemotaxis involvierten Proteine CheA1, CheY1 und CheV fand bereits in Abschnitt 3.1.10 Erwähnung. Weitere lithoautotroph hochregulierte Bestandteile von Zweikomponentensystemen waren der putative Regulator der Expression respiratorischer Gene NtrX (Atack *et al.*, 2013), der Response Regulator CopR, welcher in *Pseudomonas syringa* mit der Kupferresistenz in Verbindung gebracht wird (Mills *et al.*, 1994) und das Protein H16_B2197 mit bislang unbekannter Funktion. Besonderes Interesse weckte ein Zweikomponentensystem, von dem sich sowohl die Histidin-Kinase H16_A1373 als auch der korrespondierende Response Regulator H16_A1372 als lithoautotroph hochreguliert klassifizieren ließen. Es zeigte Sequenzähnlichkeit zu dem in *Acidovorax* sp. KKS102 bereits gut untersuchten System BphP/Q, welches die Succinat-vermittelte Katabolitrepression der Biphenyldegradation kontrolliert (Ohtsubo *et al.*, 2006). Damit stellte sich die Frage, welche Rolle H16_A1372/73 in *R. eutropha* H16 speziell beim H₂/CO₂-basierten Wachstum einnimmt. Die Charakterisierung des Systems ist Gegenstand des Ergebnisteils in Abschnitt 3.3 der vorliegenden Arbeit.

3.2 Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise

Für die Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise sollte das bei der Studie zur lithoautotrophen Lebensweise bereits bewährte experimentelle Vorgehen Anwendung finden. Es umfasst, (I) die Zellen kontrolliert im 10-Liter-Bioreaktor anzuziehen, (II) Lithiumdodecylsulfat zur Solubilisierung von Membranproteinen einzusetzen und (III) die lösliche und Membranfraktion über 1D-GeLCMS im Hochdurchsatz-Verfahren zu messen.

Bei der Zellkultivierung diene Fructose als Kohlenstoff- und Energiequelle. Für die anaerobe Anzucht wurde dem Minimalmedium, das als einzige Stickstoffquelle NH_4^+ enthält, NO_3^- zugegeben und der Gasraum mit Helium gefüllt. Neben der Protokollierung der Parameter OD, Temperatur, pH-Wert, CO_2 - und O_2 -Gehalt erfolgte die Bestimmung der Konzentration an NO_3^- und der Denitrifikationsprodukte NO_2^- , NO, N_2O und N_2 *offline*. Als Vergleichskultur wurden Zellen im Minimalmedium aerob mit Fructose jedoch ohne NO_3^- angezogen. Die Zellernte erfolgte in der exponentiellen Phase bei einer OD_{436} von eins. Als Vorkulturen der anaeroben und aeroben Anzuchten dienten exponentiell wachsende Zellen einer aeroben Anzucht mit Fructose.

3.2.1 Sechs Erntepunkte sollen die Phasen der Denitrifikation abdecken

Die Denitrifikation ist ein mehrstufiger Prozess. Bei der Durchführung der Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise von *R. eutropha* H16 war es daher von besonderem Interesse, neben Unterschieden im Proteinbestand zu aerob gewachsenen Zellen, auch eventuelle Veränderungen über den Denitrifikationsprozess hinweg aufzudecken. Aus diesem Grund wurden sechs Zellernten verteilt über den gesamten Verlauf der Denitrifikation durchgeführt. Eine schematische Darstellung der Erntepunkte und ihre Einordnung in die unterschiedlichen Phasen der Denitrifikation ist in Abbildung 15 wiedergegeben. Bei den Zeitpunkten A und B handelte es sich um Phasen, in denen NO_3^- bzw. NO_2^- etwa zur Hälfte verwertet waren. Die Erntepunkte C und D deckten die Phasen kurz nach der maximalen NO- und N_2O -Anreicherung im Gasraum ab. Der Zeitpunkt E spiegelte die Phase der N_2 -Produktion wider, während zum Zeitpunkt F die maximale N_2 -Konzentration erreicht war.

Eine erste Erfassung des Proteinbestands aller sechs Zeitpunkte zeigte lediglich geringe Unterschiede zwischen den sechs Proben. Im Folgenden konzentrierten sich daher die Anzuchten der biologischen Replikate auf die Probenentnahme zu den Zeitpunkten A und D als Phase der Adaptation an anaerobe Wachstumsbedingungen

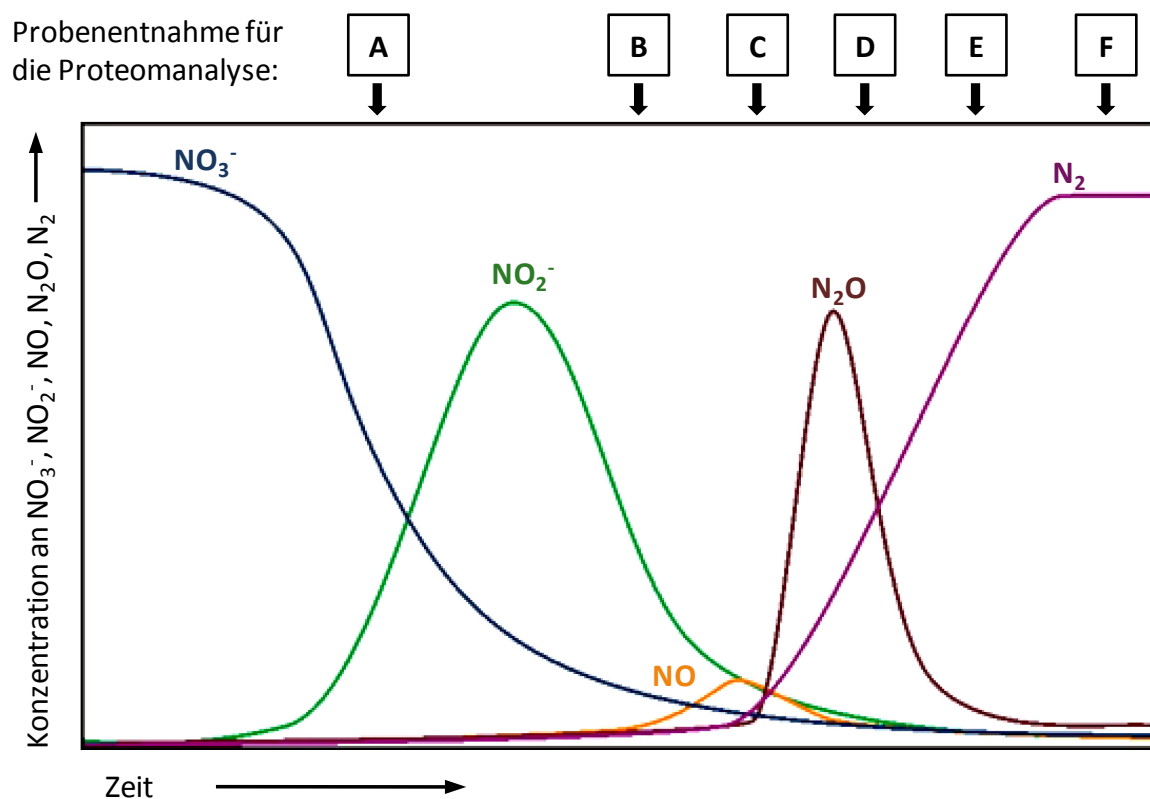


Abbildung 15 Punkte der Probenentnahme während der anaeroben Anzucht. Dargestellt ist der idealisierte Verlauf der Konzentrationsveränderung der Edukte und Produkte der Denitrifikation (Zumft, 1997; Schneider, 1989; Römermann & Friedrich, 1985) während einer ca. 60-stündigen Kultivierung im Biofermenter unter anaeroben Bedingungen. Konzentrationsverläufe in Anlehnung an Berechnungen von Dr. Cramm. Die Pfeile kennzeichnen die Punkte der Probenentnahme.

bzw. des Übergangs zum letzten Reduktionsschritt innerhalb der Denitrifikation. Für die Proben der Zeitpunkte A und D sowie die aerob gewachsene Referenzprobe wurden je drei biologische Replikate angefertigt und analysiert. In Abbildung 38 (siehe Anhang) sind repräsentativ je eine Wachstumskurve sowie die gängigen Bioreaktorparameter für die replizierten anaeroben und aeroben Anzuchten dargestellt. Bezüglich der übrigen Erntepunkte (B, C, E und F) sollte jeweils eine Messung hinreichend bleiben.

3.2.2 Über 600 Proteine zeigen eine *on/off*-Regulation

Die massenspektrometrische Analyse aller Proben der anaeroben und aeroben Anzuchten ergab insgesamt 2.261 Proteinidentifizierungen (siehe Tabelle 8 im Anhang). Damit wurde die Expression von 34 % der 6.626 im Genom von *R. eutropha* codierenden Gene in den untersuchten Proben nachgewiesen. 268 Proteine wurden ausschließlich unter anaeroben Bedingungen detektiert. Unter aeroben Bedingungen wurden 344 Proteine gefunden. Aufgrund ihres Regulationsmusters werden diese Proteine als *on/off*-Proteine bezeichnet. In Abbildung 16 ist die Zahl der identifizierten Proteine nach

ihrer Funktion aufgeschlüsselt dargestellt. Die Funktionszuordnung wurde der Annotationsarbeit von Pohlmann *et al.* (2006) entnommen. Mit einem Anteil von 26 % besaß mehr als ein Viertel der identifizierten Proteine eine unbekannte oder allgemein vorhergesagte Funktion.

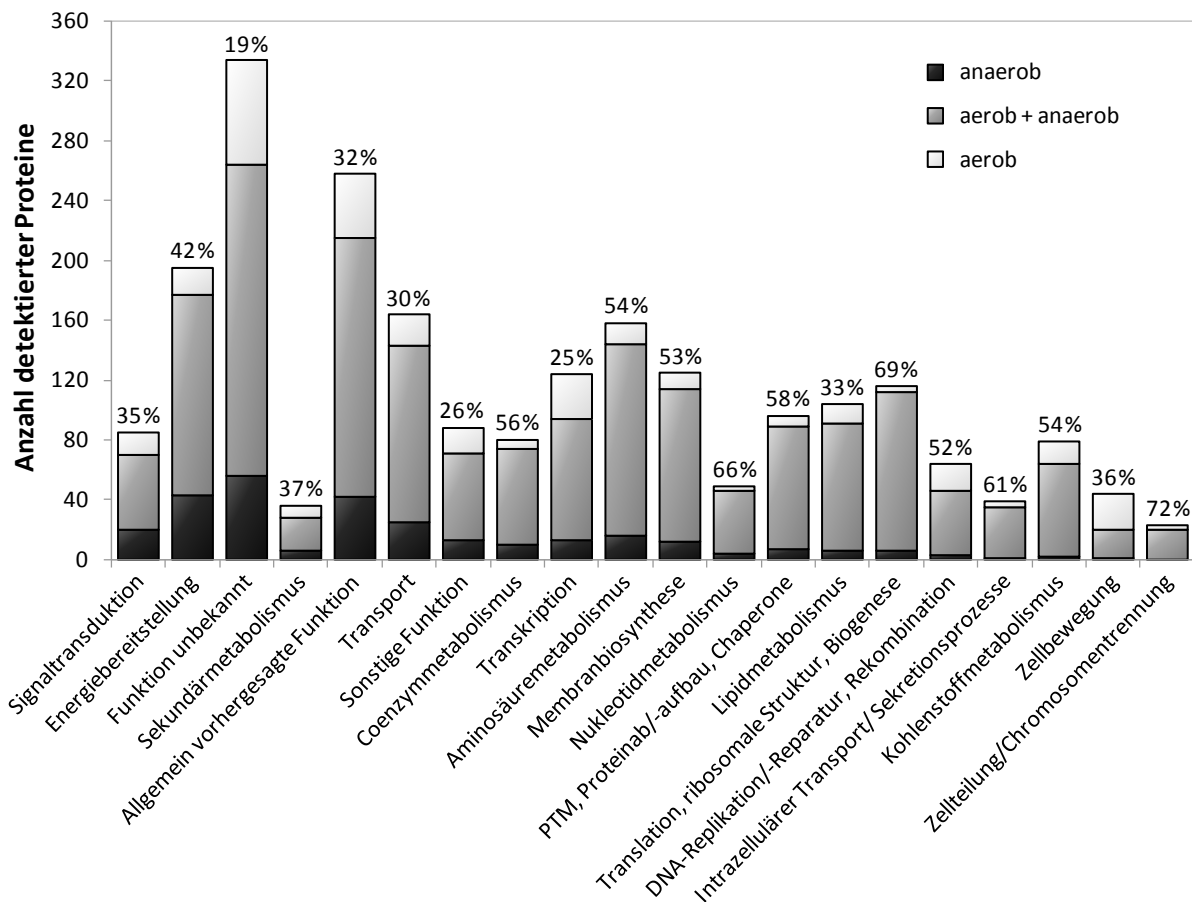


Abbildung 16 Klassifizierung der identifizierten Proteine nach Funktion. Die Angaben sind für jede Funktionsgruppe differenziert nach dem Proteinanteil, der lediglich in anaerob gewachsenen Zellen (schwarz), lediglich in aerob gewachsenen Zellen (hellgrau) oder in beiden (dunkelgrau) detektiert wurde, dargestellt. Die Anordnung der funktionellen Gruppen im Diagramm erfolgte mit absteigendem Anteil an Proteinen, die ausschließlich unter anaeroben Bedingungen detektierbar waren. Der prozentuale Anteil an identifizierten Proteinen zu allen im Genom codierten Proteinen einer Funktionsgruppe ist jeweils über den Balken dargestellt. Klassifizierung nach Pohlmann *et al.* (2006). PTM, posttranslationale Modifikation.

Anaerob und aerob gewachsene Zellkulturen wiesen zu den Zeitpunkten der Probenentnahme, wie aus der Abbildung 38 im Anhang zu entnehmen, deutlich unterschiedliche Wachstumsraten auf. Es ist bekannt, dass ein Abfall der Wachstumsrate mit einer Abnahme an ribosomalen Proteinen und damit einer sinkenden Proteinbiosynthese einhergeht (Marr, 1991). Ein Blick auf jene Proteine, die der Aufrechterhaltung grundlegender Wachstumsprozesse dienen, sollte daher zeigen,

inwieweit die unterschiedlichen Wachstumsraten einen Effekt auf die Proteindetektion durch geringere Proteinbiosyntheseraten hatten. Über 85 % der identifizierten Proteine der Funktionsgruppen „Nukleotidmetabolismus“ (42 von 49 Proteinen), „Posttranslationale Modifikation, Proteinab/-aufbau, Chaperone“ (82 von 96 Proteinen), „Translation, ribosomale Struktur und Biogenese“ (106 von 116 Proteinen) sowie „Zellteilung/Chromosomentrennung“ (20 von 23 Proteinen) lagen unter beiden Bedingungen vor. Folglich dominierten Proteine, die unter beiden Bedingungen detektiert wurden, jene Gruppen mit Funktion im Zellhaushalt. Die qualitativen Daten ließen damit keinen Hinweis für einen wachstumsratenabhängigen Effekt auf den Proteinbestand finden.

Die Prozentwerte über den Balken in Abbildung 16 geben die Relation von identifizierten zu den im Genom codierten Proteinen einer jeden Funktionsgruppe an. Die identifizierten Proteine mit den eben genannten Funktionen deckten mit über 50 % einen Großteil der im Genom vorliegenden Gene ab. Im Gegensatz dazu ließen sich die 592 Proteine mit „unbekannter Funktion“ oder „allgemein vorhergesagter Funktion“ (die beiden höchsten Balken) trotz des großen Gesamtanteils an der Zahl identifizierter Proteine nur 19 % bzw. 32 % der Genomkapazität zuordnen.

Der größte Teil an Proteinen, die einzig unter anaeroben Bedingungen identifiziert wurden, gehörte den Funktionskategorien „Signaltransduktion“ (19 von 84 Proteinen, 23 %), „Energiebereitstellung“ (43 von 195 Proteinen, 22 %) und „Funktion unbekannt“ (56 von 334 Proteinen, 17 %) an. Dagegen waren Proteine, die exklusiv unter aeroben Bedingungen zu finden waren, in den Gruppen „Zellbewegung“ (24 von 44 Proteinen, 55 %) sowie „DNA-Replikation/-Reparatur, Rekombination“ (18 von 64 Proteinen, 28 %) in erhöhtem Maß präsent.

Zusammenfassend lässt sich aus der Gegenüberstellung entnehmen, dass beim Wechsel von einer aeroben zur anaeroben Lebensweise das Inventar an Proteinen eine deutliche Umstrukturierung erfuhr.

3.2.3 Die Denitrifikationsenzyme liegen abundant während des gesamten Denitrifikationsverlaufs vor

Um auch quantitative Aussagen treffen zu können, wurde nach einer Quantifizierungsmethode gesucht, die es ermöglicht, Proteinmengen in sieben unterschiedlichen Proben (Zeitpunkte A-F sowie der aerob gewachsenen Referenzprobe) miteinander zu vergleichen. Als markierungsfreie Methode bot sich die Strategie des Spektrenzählens (*spectral counting*) an. Hierbei handelt es sich um eine

Tendenzanalyse, die auf der Annahme beruht, dass die Anzahl der Massenspektren eines Peptides mit der Proteinmenge in der Probe korreliert (Zybailov *et al.*, 2005; Liu *et al.*, 2004).

Als Ergebnis wurde für jedes Protein die normalisierte Spektrenzahl (NSC) angegeben (Berechnung des NSCs siehe Material- und Methodenteil, Abschnitt 2.8.4). Für den Vergleich der anaeroben Proben (Zeitpunkte A-F) mit der aerob gewachsenen Referenz (+O₂) wurde zudem das Verhältnis (R) der entsprechenden NSCs berechnet und als Logarithmus zur Basis zwei (Log₂R) ausgegeben (Details siehe 2.8.4). Im Falle einer *on/off*-Regulation wurde für die Probe, in der kein Protein vorlag, ein NSC von 0,5 angenommen, um dennoch die Berechnung eines Log₂R zu ermöglichen. Damit lag für jedes identifizierte Protein ein quantitativer Wert zu allen sechs Erntepunkten innerhalb des Denitrifikationsverlaufs für den Vergleich zur aerob gewachsenen Referenz vor (siehe Tabelle 8 im Anhang). Als unterschiedlich reguliert wurden Proteine eingestuft, die einen Log₂R im Betrag größer gleich zwei (vierfache Proteinmenge) besaßen. Als signifikant wurde die Regulation angesehen, insofern sich die dazugehörigen NSCs der biologischen Replikate verifiziert mit einem *p*-Wert kleiner gleich 0,05 unterschieden.

Insgesamt zeigten 324 Proteine ein signifikant unterschiedliches Regulationsprofil: 174 Proteine wurden dabei verstärkt unter aeroben Bedingungen gebildet, wohingegen 150 Proteine erhöhte Proteinmengen in den anaeroben Anzuchten aufwiesen. Die Mehrzahl der sogenannten Haushaltsproteine wies keine signifikante Regulation auf. Damit ließ sich in Ergänzung zu den qualitativen Betrachtungen im letzten Abschnitt (3.2.2) auch quantitativ kein Hinweis für einen wachstumsratenabhängigen Effekt auf die Proteinabundanz finden.

Das Regulationsprofil aller quantifizierten Proteine des Zeitpunkts A ist grafisch in Abbildung 17 separat für die lösliche und Membranfraktion dargestellt. In der Membranfraktion wurden mit 1.107 Proteinen deutlich weniger als in der löslichen Fraktion mit 1.624 Proteinen identifiziert. Der Anteil an regulierten Proteinen war im Gegensatz dazu jedoch deutlich erhöht. Dies spiegelt, wie bereits in Abschnitt 3.1.2 in der Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise hervorgehoben, die Relevanz der Membranfraktionsanalyse bei der Untersuchung von Proteomen wider. Die Gegenüberstellung in Abbildung 17 veranschaulicht weiterhin, dass dem anaerob hochregulierten Proteinteil (roter Bereich links in den Diagrammen mit 82 und 166 Proteinen) ein weitaus größerer Teil an anaerob reprimierten Proteinen gegenübersteht (roter Bereich rechts in den Diagrammen mit 165 bzw. 218 Proteinen). Der analoge Vergleich für den Zeitpunkt D liefert ein grundlegend gleiches Ergebnis.

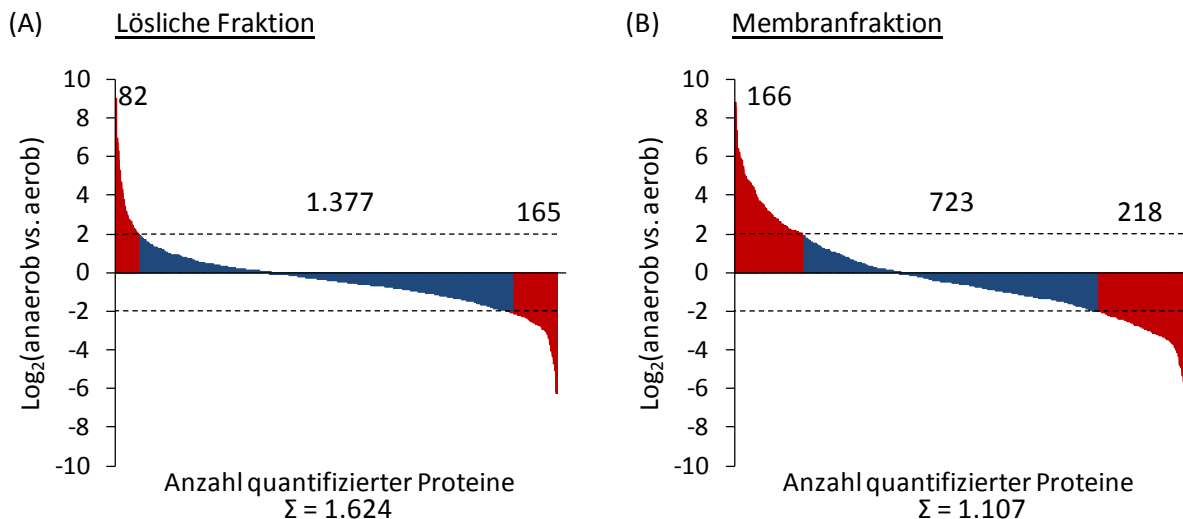


Abbildung 17 Log₂R-Werte aller quantifizierten Proteine für den Vergleich von Zeitpunkt A mit der aerob gewachsenen Referenzprobe. Proteine, deren Log₂R-Wert im Betrag größer oder gleich zwei war, wurden als reguliert eingestuft (rot markiert). Die Anzahl der den drei verschiedenen Regulationsbereichen zugeordneten Proteine ist über den jeweiligen Bereichen angegeben.

Weiterhin ist erkennbar, dass unter anaeroben Bedingungen deutlich stärkere Hochregulationen (bis zu 500-fach, Log₂R = 9) erreicht wurden als unter aeroben (bis zu 64-fach, Log₂R = -6). Dies wird ferner dadurch verdeutlicht, dass mit 55 Proteinen beim anaeroben Wachstum die Zahl derer, die eine 16-fache oder höhere Hochregulation aufwiesen, mehr als doppelt so groß war wie unter aeroben Bedingungen mit 20 Proteinen.

Tabelle 6 gibt sortiert nach Funktion die 30 am stärksten unter anaeroben Bedingungen hochregulierten Proteine wieder. Analog zur funktionellen Gruppierung der identifizierten Proteine finden sich auch bei den Top 30 der anaerob hochregulierten Proteine die Mehrzahl in den Funktionsgruppen „Energiebereitstellung“, „Signaltransduktion“ und „Funktion unbekannt“ bzw. „allgemein vorhergesagt“ wieder.

Die beiden Proteine ThiO und ThiC ließen sich dem Coenzymmetabolismus zuordnen. Innerhalb des Ribonukleotidmetabolismus zeigten sich die beiden Ribonukleotid-Reduktasen NrdJ und NrdD als stark hochreguliert. Zu den Proteinen der Signaltransduktion ließen sich die beiden NorA-Homologe NorA1 und NorA2, denen eine regulierende Wirkung im NO-Metabolismus zugesprochen wird (Cramm & Strube, 2008), der Regulator NosR, das universelle Stressprotein UspA sowie NarX1, die Sensor-Kinase des Zweikomponentensystems der NO₃⁻/NO₂⁻-Sensierung, zuordnen.

Tabelle 6 Zusammenstellung der 30 am stärksten unter anaeroben Bedingungen hochregulierten Proteine. Jedes Protein wurde mindestens einmal mit einem Log₂R über sechs quantifiziert (entspricht einer 64-fachen Regulation). "-", nicht bestimmt.

| | | | 1D-GeLCMS | | | |
|--|-----------|---|--|--|--|--|
| Locus Tag | Protein | Beschreibung | Lösliche Fraktion | Membranfraktion | | |
| | | | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) |
| Coenzymmetabolismus | | | | | | |
| H16_A0235 | ThiC | Hydroxymethylpyrimidinphosphat-Synthase | 2 | 0,9 | 5,9 | 3,5 |
| H16_A0236 | ThiO | Thiaminbiosynthese-Oxidoreduktase | 4,3 | 4,3 | 6,4 | 5,4 |
| Nukleotidmetabolismus | | | | | | |
| H16_A2390 | NrdJ | Ribonukleotid-Reduktase, Coenzym B ₁₂ -abhängig | 5,3 | 5,7 | 5 | 4,9 |
| PHG240 | NrdD | Anaerobe Klasse III Ribonukleotid-Reduktase | 6,9 | 6 | 8,8 | 8,2 |
| Energiebereitstellung | | | | | | |
| H16_A0757 | Adh | Alkohol-Dehydrogenase | 6,4 | 7 | - | 3,1 |
| H16_A2319 | CcoN | <i>cbb3</i> -Cytochrom-Oxidase, Untereinheit I | - | - | 6,6 | 6,5 |
| H16_A2627 | CisY | Citrat-Synthase | 0,2 | 0,2 | 5,6 | 4,3 |
| H16_A2634 | Mdh1 | Malat-Dehydrogenase | 0,8 | 1,4 | 6 | 3,4 |
| H16_B2265 | NarG2 | Respiratorische NO ₃ ⁻ -Reduktase, α-Kette | 6,3 | 6,2 | 8,1 | 8,3 |
| H16_B2266 | NarH2 | Respiratorische NO ₃ ⁻ -Reduktase, β-Kette | - | - | 7,3 | 7,7 |
| H16_B2277 | NirS | Cytochrom- <i>cd</i> ₁ -NO ₂ ⁻ -Reduktase | 9 | 9,3 | 4,3 | 4,5 |
| H16_B2279 | NirF | Häm- <i>d</i> ₁ -Biosyntheseprotein | - | 3 | 6,2 | 6,4 |
| H16_B2284 | NirN | Cytochrom <i>c</i> | 5,6 | 5,9 | - | 3,8 |
| H16_B2323 | NorB2 | NO-Reduktase, qNor-Typ | 3,2 | 3,2 | 6,3 | 6,6 |
| PHG244 | NorB1 | NO-Reduktase, qNor-Typ | 2,9 | 2,6 | 7,3 | 7,5 |
| PHG252 | NosZ | N ₂ O-Reduktase | 6,7 | 6,3 | 5,8 | 6,3 |
| PHG270 | NarG1 | Respiratorische NO ₃ ⁻ -Reduktase, α-Kette | 6,7 | 6,6 | 8,5 | 8,7 |
| PHG271 | NarH1 | Respiratorische NO ₃ ⁻ -Reduktase, β-Kette | 5,4 | 5,6 | 7,4 | 7,8 |
| Signaltransduktion | | | | | | |
| H16_B1432 | UspA | Universelles Stress Protein, UspA-Familie | - | - | 3,7 | 7,1 |
| H16_B2324 | NorA2 | NorA2 Protein | 7,1 | 6,3 | 4,8 | 5,4 |
| PHG245 | NorA1 | NorA1 Protein | 6,9 | 6,8 | 4,7 | 5,2 |
| PHG251 | NosR | Putativer Transkriptions-Regulator | - | 1,2 | 6,4 | 6,2 |
| PHG265 | NarX1 | Transmembrane NO ₃ ⁻ -/ NO ₂ ⁻ -Sensor-Kinase | - | - | 5,5 | 6,6 |
| Transport | | | | | | |
| H16_A3708 | CstA | Putativer Peptid-Transporter (<i>carbon starvation protein A</i>) | - | - | 4,4 | 5,6 |
| PHG250 | NosD | ABC-Transporter | - | - | 5,3 | 5,5 |
| Unbekannte oder allgemein vorhergesagte Funktion | | | | | | |
| H16_A1212 | H16_A1212 | Konserviertes hypothetisches Protein | 4,1 | 4,5 | 5,9 | 6,3 |
| H16_B2330 | H16_B2330 | Putative Peptidase, U32-Familie | - | 5,5 | 5,9 | 5,7 |
| PHG234 | PHG234 | Konserviertes hypothetisches Protein | 3,4 | 4,6 | 5,6 | 5,2 |
| PHG257 | PHG257 | Hypothetische Protease | 5,3 | 5,8 | 6 | 5,8 |
| PHG264 | PHG264 | Konserviertes hypothetisches Protein | 5,8 | 6,4 | - | 1,9 |

In unmittelbarer Nachbarschaft von *narX1* liegt das Gen für PHG264. PHG264 lag in der löslichen Fraktion stark hochreguliert vor und ist wie die vier Proteine H16_A1212, H16_B2330, PHG234 und PHG257 nicht oder lediglich allgemein funktionell charakterisiert. Weiterhin wurden für den putativen Peptidtransporter CstA erhöhte Log₂R-Werte in der Membranfraktion ermittelt. Die zwei Enzyme des TCA-Zyklus Citrat-Synthase (CisY) und Malat-Dehydrogenase (Mdh1) wurden unter beiden Bedingungen gebildet und zeigten stark erhöhte Mengen in der Membranfraktion von denitrifizierenden Zellen. Sie zählten zusammen mit der Alkohol-Dehydrogenase Adh (H16_A0757) sowie der Untereinheit CcoN der *cbb₃*-Typ-Cytochrom-Oxidase und den strukturellen Komponenten der Denitrifikationsenzyme, NirS, NarG1, NorB1 und NorB2, zu den am stärksten hochregulierten Proteinen des Energiemetabolismus. Auch für die beiden katalytischen Untereinheiten der verbleibenden Denitrifikationsenzyme NarG2 und NosZ wurde in mindestens einer Zellfraktion über alle sechs gemessenen Zeitpunkte (A-F) eine starke Hochregulation ermittelt. Die nachfolgende Abbildung 18 gibt anschaulich das Regulationsprofil und damit die Hochregulation aller Denitrifikationsenzyme über den gesamten Denitrifikationsweg wieder. Eine Übersicht der Regulationswerte zu weiteren für die Denitrifikation relevanten Proteinen bietet Tabelle 13 im Anhang.

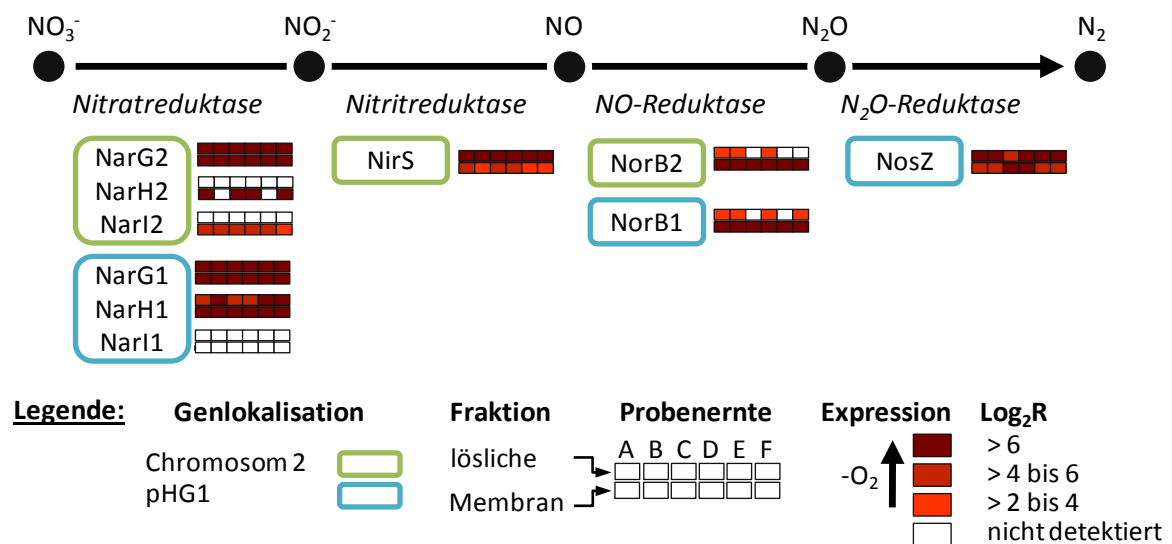


Abbildung 18 Übersicht zur Regulation der Denitrifikationsenzyme. Die Enzyme zeigten über alle Zeitpunkte (A-F, siehe Abbildung 15) hinweg eine starke Hochregulation.

Die genetischen Informationen für die Enzyme NAR und NOR liegen dupliziert auf Chromosom 2 (NAR2, NOR2) und dem Megaplasmid pHG1 (NAR1, NOR1) vor. Sowohl die chromosomal- als auch die Megaplasmid-codierten Enzyme wurden identifiziert. Mit

Ausnahme von NarI1, NarK3 und NorR1/2, wurden alle Genprodukte der jeweils zwei *nar*- und *nor*-Gencluster gefunden. Bezüglich NarI1 und NarK3 konnten Peptide detektiert werden. Diese waren jedoch durch die hohe Aminosäuresequenzidentität zu NarI2 (97,79 %) bzw. NarK1 (92,95 %) nicht eindeutig zuzuordnen. Ein Vorliegen von NarI1 und NarK3 in denitrifizierenden Zellen kann daher nicht ausgeschlossen werden. Neben der membrangebundenen NO₃⁻-Reduktase NAR, deren katalytische Untereinheit in das Cytosol reicht, besitzt *R. eutropha* als weiteres respiratorisches, NO₃⁻-reduzierendes Enzym eine periplasmatische NO₃⁻-Reduktase (NAP). Lediglich die große Untereinheit NapA wurde zum Zeitpunkt D in der löslichen Fraktion identifiziert. Das Flavohämoprotein Fhp wird mit dem NO-Metabolismus in Zusammenhang gebracht. Zu jedem der sechs Zeitpunkte zeigte es mit einem Log₂R zwischen drei und sechs in beiden Fraktionen erhöhte Regulationswerte unter anaeroben Bedingungen.

3.2.4 Anaerobe Bedingungen induzieren die Synthese der *cbb*₃-Typ-Cytochrom-Oxidase

Neben der Induktion denitrifikationsspezifischer Proteine erfuhren weitere Komponenten der Atmungskette grundlegende quantitative Veränderungen. Von den insgesamt acht terminalen Oxidasen wurde die Anwesenheit der zwei Cytochrom-Oxidasen Cta und Cco sowie der beiden Chinol-Oxidasen Cyo1 und Cyd1 in denitrifizierenden Zellen nachgewiesen. Wohingegen die Untereinheiten der Cta (CtaCDE) eine leichte Abundanz in den aerob gewachsenen Zellen aufwiesen, befanden sich für Cyo1 leicht höhere Proteinmengen in den anaerob gewachsenen Proben. Für die Chinol-Oxidase Cyd1 wurde nur eine (CydA1) der zwei Untereinheiten identifiziert. Sie war in der Membranfraktion und ausschließlich in den Zellproben zu den Zeitpunkten C bis F präsent. Die berechneten Log₂R-Werte lagen zwischen 2,4 und 4,2, was einer fünf- bis 18-fachen Hochregulation entspricht. Des Weiteren war eine starke Hochregulation der *cbb*₃-Typ-Cytochrom-Oxidase Cco zu verzeichnen. Bis auf die kleine Untereinheit CcoQ (6 kDa) wurden alle Enzymkomponenten (CcoP, CcoO, CcoN) identifiziert und mit sechs- bis über 100-fach (CcoN) erhöhten Proteinmengen in jedem der unter anaeroben Bedingungen gemessenen Zeitpunkte gefunden.

3.2.5 In Abhängigkeit vom Elektronenakzeptor variiert die Menge der Isoenzyme des TCA-Zyklus

Die funktionelle Gruppierung aller identifizierten Proteine in Abschnitt 3.2.1 wies nur geringe qualitative Unterschiede im Kohlenstoffmetabolismus auf. Die quantitative Auswertung hingegen zeigte insbesondere für den zentralen Kohlenstoffwechsel sowie innerhalb der Enzyme des Gärungsstoffwechsels (Vollbrecht *et al.*, 1979) markante Unterschiede unter den beiden untersuchten Wachstumsbedingungen (siehe Abbildung 39 im Anhang).

Zu den anaerob hochregulierten Enzymen zählten die Alkohol-Dehydrogenase (Adh, H16_A0757) und die Lactat-Dehydrogenase (Ldh, H16_A0666), deren zugehörige Log₂R-Werte bei über sieben bzw. drei lagen. Eine ebenso starke Hochregulation war für die Aldehyd-Dehydrogenase ExaC (H16_B1960) und die Acetyl-CoA-Synthetase H16_B1102 zu verzeichnen.

Des Weiteren konzentrierten sich differenziell regulierte Enzyme innerhalb des PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knotens. So zeigten die anaplerotische Pyruvat-Carboxylase Pyc sowie zwei der drei Pyruvat-Kinasen (Pyk2, Pyk3) über dreifach erhöhte Mengen in aerob gewachsenen Zellen, wohingegen alle drei Untereinheiten der Pyruvat-Dehydrogenase sowie die reversibel katalysierende PEP-Carboxykinase (Pepck) leicht erhöhte Mengen unter anaeroben Bedingungen aufwiesen. Weiterhin war das für den Glyoxylat-Weg spezifische Enzym Isocitrat-Lyase (IclA) mit Log₂R-Werten von 2,1 und 2,7 zu den Zeitpunkten A bzw. D verstärkt unter anaeroben Bedingungen detektierbar.

Innerhalb des TCA-Zyklus machten die drei Enzyme Aconitase, Isocitrat-Dehydrogenase und Fumarase durch ihr Regulationsprofil auf sich aufmerksam. Allen drei Enzymfunktionen ist gemeinsam, dass für diese je zwei Isoenzyme vorliegen. Für die Aconitase-Reaktion existieren die Isoenzyme AcnA und AcnB. Die Isoenzyme der Isocitrat-Dehydrogenase sind Icd1 sowie Icd2 und die der Fumarase FumA und FumC. Ein Isoenzym lag stets in etwa gleichen Proteinmengen vor, wohingegen das zweite Isoenzym eine differenzielle Regulation sowohl beim Vergleich anaerob vs. aerob als auch im Vergleich der einzelnen Zeitpunkte unter anaeroben Bedingungen untereinander aufwies. In denitrifizierenden Zellen zeigte demnach AcnB in den Proben A, C und D um etwa vierfach erhöhte Proteinmengen. Icd1 war in den Proben A bis D etwa fünffach verstärkt präsent, indes FumC eine Runterregulation in den Proben A (vierfach), B und C (jeweils 10-fach) erfuhr.

An dieser Stelle soll ein erst kürzlich beschriebenes System zur Sec-unabhängigen Sekretion von Proteinen Erwähnung finden, dessen Gene sich stromaufwärts des Gens

der anaerob hochregulierten Ldh befindet (Boyer *et al.*, 2009). Eine von insgesamt 13 konservierten Komponenten (H16_A0654, Hcp1) wurde ausschließlich unter anaeroben Bedingungen zu den Zeitpunkten A und D detektiert. Von den 12 konservierten Genen eines zweiten Clusters konnten insgesamt fünf Proteine (H16_B2416/2428/2432-2434) detektiert werden. Sie wurden ausschließlich und damit mit *on/off*-Regulation oder hochreguliert in aerob gewachsenen Zellen gefunden.

3.2.6 Die drei Ribonukleotid-Reduktasen zeigen distinkte Regulationsmuster

Die Zusammenstellung der 30 am stärksten unter anaeroben Bedingungen hochregulierten Proteine in Abschnitt 3.2.3 wies bereits auf unterschiedliche Regulationsmuster der Ribonukleotid-Reduktasen in *R. eutropha* hin. Ribonukleotid-Reduktasen reduzieren Ribonukleotide an der 2'-Hydroxygruppe zu Desoxyribonukleotiden und sind damit wichtige Enzyme bei der DNA-Synthese und Reparatur. Es werden drei Enzymklassen unterschieden: (I) die aerobe Klasse I Ribonukleotid-Reduktase NrdAB, (II) das Vitamin B₁₂-abhängige Enzym der Klasse II NrdJ sowie (III) das anaerobe Klasse III Enzym NrdD (Torrents *et al.*, 2002; Siedow *et al.*, 1999; Reichard, 1993). *R. eutropha* besitzt je ein Enzym aller drei Klassen (Pohlmann *et al.*, 2006). Alle drei Varianten konnten identifiziert werden. Ihre Regulationsprofile wichen jedoch stark voneinander ab. So zeigte NrdAB unter beiden Bedingungen ähnliche Proteinmengen, wohingegen NrdJ zwar in allen Proben identifiziert wurde, aber eine fast 60-fache Hochregulation unter anaeroben Bedingungen aufwies. Für die anaerobe Ribonukleotid-Reduktase NrdD wurden Peptide ausschließlich in denitrifizierenden Zellen detektiert. Sie zeigte damit eine *on/off*-Regulation. Der Log₂R erreichte Werte bis zu 6,9 in der löslichen Fraktion, was einer über 100-fachen Hochregulation entspricht. Für das zugehörige Aktivatorprotein NrdG wurden trotz *on/off*-Regulation lediglich Log₂R-Werte um zwei ermittelt.

3.2.7 SAM-abhängige Enzyme sind anaerob hochreguliert

Im Weiteren zeigten die zwei Enzyme ThiO und ThiC dominante Proteinmengen in anaerob lebenden Zellen (siehe Tabelle 6). Sie sind bei der Biosynthese von Thiamin involviert. Thiamin ist ein Vitamin und fungiert in Form von Thiaminpyrophosphat als Coenzym der Pyruvat-Dehydrogenase E1, α -Ketoglutarat-Dehydrogenase oder Transketolase. Bezüglich des Coenzymmetabolismus fanden sich weitere Proteine, die eine Hochregulation zeigten. So war für die Liponsäure-Synthase LipA ein *on/off*-Regulationsprofil zu verzeichnen. Auch Liponsäure ist als Coenzym Bestandteil des

Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes. Weiterhin zeigte die Biotin-Synthase BioB eine 13-fach erhöhte Proteinmenge unter anaeroben Bedingungen. LipA und BioB sind S-Adenosylmethionin (SAM)-abhängige Enzyme. Als weiteres SAM-abhängiges Enzym konnte die Coproporphyrinogen-III-Oxidase HemN (H16_A3615) in denitrifizierenden Zellen identifiziert und mit Log₂R-Werten um drei quantifiziert werden.

3.2.8 Anaerobe Bedingungen führen zum Verlust von Zellanhängseln

Im Folgenden soll auf eine weitere Beobachtung, die aus der funktionellen Betrachtung aller identifizierten Proteine im Abschnitt 3.2.2 hervorging, eingegangen werden. Bezüglich der Funktionsgruppe „Zellbewegung“ waren mehr als die Hälfte der identifizierten Proteine ausschließlich in aerob gewachsenen Zellen nachweisbar. Im Genom sind über 134 Proteine codiert, die sich in funktioneller Hinsicht mit Zellbewegungsprozessen in Verbindung bringen lassen. 47 Proteine konnten identifiziert werden, wobei 35 Proteine unter anaeroben Bedingungen nicht präsent waren oder um ein mehr als Vierfaches reprimiert vorlagen. Diese umfassten die Proteine (I) der Flagellen-Synthese, wie das Flagellinprotein FliC und die Proteine MotA und MotB, (II) der Chemotaxis (CheV, CheW2b, CheW3, CheA1, CheA2Y2) inklusive sechs der 11 MCPs (Tar2, H16_B0228, H16_B0232, H16_B0233, H16_B1933, H16_B2505) sowie (III) der Synthese von Flp-Pili (CpaB3, CpaC3, CpaF3, TadB2, TadC2, TadG2a) und weitere Typ-IV-Pili spezifische Proteine (PilE1, PilV3, Pill, PillJ, PilZ, PilY2, PilT1, PilC, PilP2, PilO2). Somit war davon auszugehen, dass anaerob kultivierte Zellen keine oder nur limitiert Zellanhängsel in Form von Flagellen oder Fimbrien bilden.

3.2.9 Die Phasine PhaP1 und PhaP2 liegen anaerob dominant vor

Sauerstoffmangelbedingungen induzieren die PHB-Akkumulation (Steinbüchel & Schlegel, 1989). Sowohl die Enzyme der PHB-Synthese als auch des PHB-Abbaus konnten unter anaeroben und aeroben Bedingungen nachgewiesen werden. Eine Zusammenstellung der Regulationswerte der Enzyme des PHB-Metabolismus sowie der vier Phasine und des transkriptionalen Regulators PhaR findet sich in Tabelle 14 im Anhang wieder. Die Enzyme des PHB-Abbaus wurden entweder nicht oder nur mit sehr niedrigen NSCs trotz hoher Molekülmassen (PhaZ1 – 47 kDa, PhaY1 – 74 kDa und PhaY2 – 32 kDa) identifiziert. Von dem Enzymrepertoire der PHB-Synthese waren sieben der 15 β -Ketoacyl-CoA-Thiolasen und 16 der 39 β -Ketoacyl-CoA-Reduktasen identifiziert worden. Von den β -Ketoacyl-CoA-Reduktase-Isoenzymen wurde PhaB2 in den Proben A und D ausschließlich unter anaeroben Bedingungen detektiert,

wohingegen PhaB3 aerob hochreguliert war. Von den zwei PHA-Synthase-Isoenzymen wurde lediglich PhaC1 nachgewiesen. Des Weiteren zeigten die vier Phasinproteine ein unterschiedliches Regulationsmuster. Phasine sind Teil der PHB-Granula-Oberfläche und wurden vorwiegend in der Membranfraktion detektiert. Beim Vergleich der Proteine untereinander zeigte sich PhaP1 mit NSCs über 50 (zu Zeitpunkten A und D sowie in der aeroben Probe) unter beiden Bedingungen abundant. Für PhaP4 wurden dagegen in allen Proben nur NSCs um 3 ermittelt. PhaP3 erreichte NSCs zwischen sieben (anaerob, D) und 34 (aerob) und war damit unter aeroben Bedingungen hochreguliert. Ähnlich hohe NSC-Werte wie PhaP1 erreichte auch das Phasin PhaP2. Es wurde in anaerob lebenden Zellen mit Log₂R-Werten über drei signifikant hochreguliert.

3.2.10 Die Enzyme des CBB-Zyklus sind unter denitrifizierenden Bedingungen stark reprimiert

In der Studie zum Vergleich des Proteoms unter anaeroben und aeroben Wachstumsbedingungen wurden viele Proteine des lithoautotrophen Stoffwechsels, darunter 22 Genprodukte des MBH- und SH-Operons, identifiziert. Sie zeigten unveränderte bis stark erhöhte Mengen mit Log₂R-Werten über drei unter anaeroben Bedingungen (HoxU (SH), HoxC (RH), HoxV und HoxW (akzessorische Funktion) sowie HypB1/F1/D1/E1/B2 (Metallzentrumassemblierung)). Bezüglich der Enzyme des CBB-Zyklus konnte eine starke Repression unter anaeroben Bedingungen festgestellt werden. Mit Ausnahme von sechs (CbbG2, CbbL2, CbbR, CbbZ1, CbbE1, CbbY1) wurden alle der auf Chromosom 2 und dem Megaplasmid pHG1 codierten 26 Cbb-Proteine identifiziert. Bis auf CbbE2 und CbbS1 wiesen sie einen Log₂R unter minus zwei auf und galten damit als unter anaeroben Bedingungen reprimiert.

3.3 Charakterisierung eines globalen Zweikomponentensystems

Die funktionelle Analyse der Proteomdaten hinsichtlich regulatorischer Proteine (Abschnitt 3.1.13) machte auf ein putatives Zweikomponentensystem aufmerksam, das unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliert war (siehe Abbildung 14). Zweikomponentensysteme sind in Bakterien weit verbreitet und dienen der Signaltransduktion in Zellen (Krell *et al.*, 2010). Sie bestehen aus einer Histidin-Kinase und einem Response Regulator.

Bei dem hier induzierten Zweikomponentensystem handelte es sich um die Histidin-Kinase H16_A1373 und den Response Regulator H16_A1372. Der Response Regulator wurde bereits bei vorangegangenen Untersuchungen zur H₂-basierten Lebensweise in *R. eutropha* H16 identifiziert. Er wurde bei der Reinigung der kleinen MBH-Untereinheit HoxK coeluiert (Schubert *et al.*, 2007). Später konnte er in einer vergleichenden 2D-Gel-basierten Studie zum Vergleich des Wachstums mit H₂/CO₂ und Succinat in 4,5-fach erhöhter Menge erfasst werden (Schwartz *et al.*, 2009). Ebenso lag in der GeLCMS-basierten Proteomstudie zur lithotrophen Lebensweise in dieser Arbeit ein signifikanter Mengenunterschied (2,4-fach, siehe Abbildung 14) vor und reproduzierte damit das Ergebnis von Schwartz *et al.* (2009). Der Response Regulator wurde dabei ausschließlich in der löslichen Fraktion identifiziert, die Histidin-Kinase hingegen lediglich in der Membranfraktion. Sie wies eine 2,3-fach höhere Menge in Extrakten lithoautotroph gewachsener Zellen auf. Da die Funktion des putativen Zweikomponentensystems bislang unbekannt war, sollte sie im Rahmen dieser Arbeit näher charakterisiert werden.

Der Charakterisierung sei an dieser Stelle die Schlussfolgerung vorweggenommen, dass für das Zweikomponentensystem eine globale Rolle bei der Genexpression anzunehmen ist. Response Regulator und Histidin-Kinase werden daher fortan als GloR (H16_A1372) bzw. GloS (H16_A1373) bezeichnet.

3.3.1 Die Histidin-Kinase verfügt über zwei transmembrane Regionen und eine PAS-Domäne

Zweikomponentensysteme besitzen einen modularen Aufbau (Casino *et al.*, 2010). Die Histidin-Kinase ist durch eine signalsensierende Rezeptordomäne und eine Transmitterdomäne charakterisiert. Der Response Regulator besteht aus einer Receiver- und einer Effektdomäne. Typischerweise liegt die Histidin-Kinase als Dimer an der Membran lokalisiert vor. Nach Signalaufnahme erfolgt an der Transmitterdomäne die ATP-abhängige Autophosphorylierung eines konservierten Histidinrests. In diesem

aktivierten Zustand wird die Phosphatgruppe auf einen spezifischen Aspartatrest der Receiverdomäne des Response Regulators übertragen. Dies führt zur Aktivierung der assoziierten Effektor-domäne, auf die eine spezifische Zellantwort folgt. Nach Abklingen des Signals wird der Response Regulator durch eine interne oder externe Phosphataseaktivität dephosphoryliert.

Für die Suche nach transmembranen Bereichen wurden die Aminosäuresequenzen der beiden Proteine einer Hydrophobizitätsanalyse nach Kyte & Doolittle (1982) unterzogen. In Abbildung 19 (A) ist ein entsprechender Hydrophobizitätsplot dargestellt. Es ließen sich zwei stark hydrophobe Bereiche im N-Term der Histidin-Kinase lokalisieren, die mit großer Wahrscheinlichkeit die Cytoplasmamembran durchspannen. Für den C-terminalen Bereich der Histidin-Kinase und den Response Regulator ergab sich ein überwiegend hydrophiler Charakter, der einer typischen Lokalisation im Cytosol entspricht. Für den 226 Aminosäure großen, hydrophilen Sequenzbereich zwischen den putativen TMHs war eine periplasmatische Lokalisation anzunehmen.

Die *In-silico*-Analyse mittels CDD Datenbankvergleich (Details siehe 2.12, Marchler-Bauer *et al.*, 2011) führte zur Detektion weiterer Domänen und konservierter Bereiche. Die Ergebnisse sind grafisch in Abbildung 19 (B) wiedergegeben und stehen bezüglich der Proteinlängen in 1:1-Relation mit dem darüber befindlichen Hydrophobizitätsplot. Das Sensormodul der Histidin-Kinase besaß eine PAS/PAC-Domäne. PAS-Domänen (Per/ARNT/Sim) sind als Sensoren für eine Vielzahl von Signalen wie Licht, Redoxpotential, O₂-Gehalt oder kleine Liganden weit verbreitet (Bibikov *et al.*, 2000; Möglich *et al.*, 2009; Taylor & Zhulin, 1999; Zhulin *et al.*, 1997). Dem C-terminal der PAS-Domäne gelegenen PAC-Motiv wird eine strukturelle Funktion bei der PAS-Domänen-Faltung zugeschrieben (Ponting & Aravind, 1997; Zhulin *et al.*, 1997; Borgstahl *et al.*, 1995). Im N-Term der Histidin-Kinase befand sich eine NtrY-ähnliche Transmitterdomäne, die die katalytisch aktive Domäne und das ATP-Bindemotiv mit den konservierten Sequenzmotiven der N-, D/F- und G-Boxen enthält. Die für Histidin-Kinasen charakteristische Phosphorylierungsstelle lag an Position 562 (H₅₆₂) innerhalb der Dimerisierungsregion. Dieser Domänenstruktur nach war GloS der Klasse I von Histidin-Proteinkinasen (Dutta *et al.*, 1999) zuzuordnen.

Während sich Histidin-Kinasen durch umfangreiche Sequenzkonservierungen im C-Term auszeichnen, zeigen Regulatorproteine signifikante Ähnlichkeiten im N-terminalen Bereich. So fanden sich drei konservierte Aspartatreste an den Positionen 19 bis 21 in der Receiverdomäne, die vermutlich als Säuretasche der Mg²⁺-Koordination dienen

(Sanders *et al.*, 1989). Der charakteristische Aspartatrest, der im Zuge der Signalweiterleitung phosphoryliert wird, konnte an der Stelle 63 (D₆₃) lokalisiert werden. Basierend auf Sequenzvergleichen der Effektor-domäne ließ sich der Regulator als Mitglied der NarL/FixJ-Familie klassifizieren und gehört damit zur Mehrzahl der Response Regulatoren, die als Transkriptionsfaktor wirken (Galperin, 2006). Entsprechend wurde ein Helix-Turn-Helix (HTH)-Motiv identifiziert (Position 168 bis 187), das vermutlich als DNA-Bindedomäne fungiert.

Um im Folgenden Hinweise auf die Art und gegebenenfalls Funktion der Zielgene zu erhalten, wurde nach ähnlichen Proteinsequenzen zu denen von GloS/R gesucht.

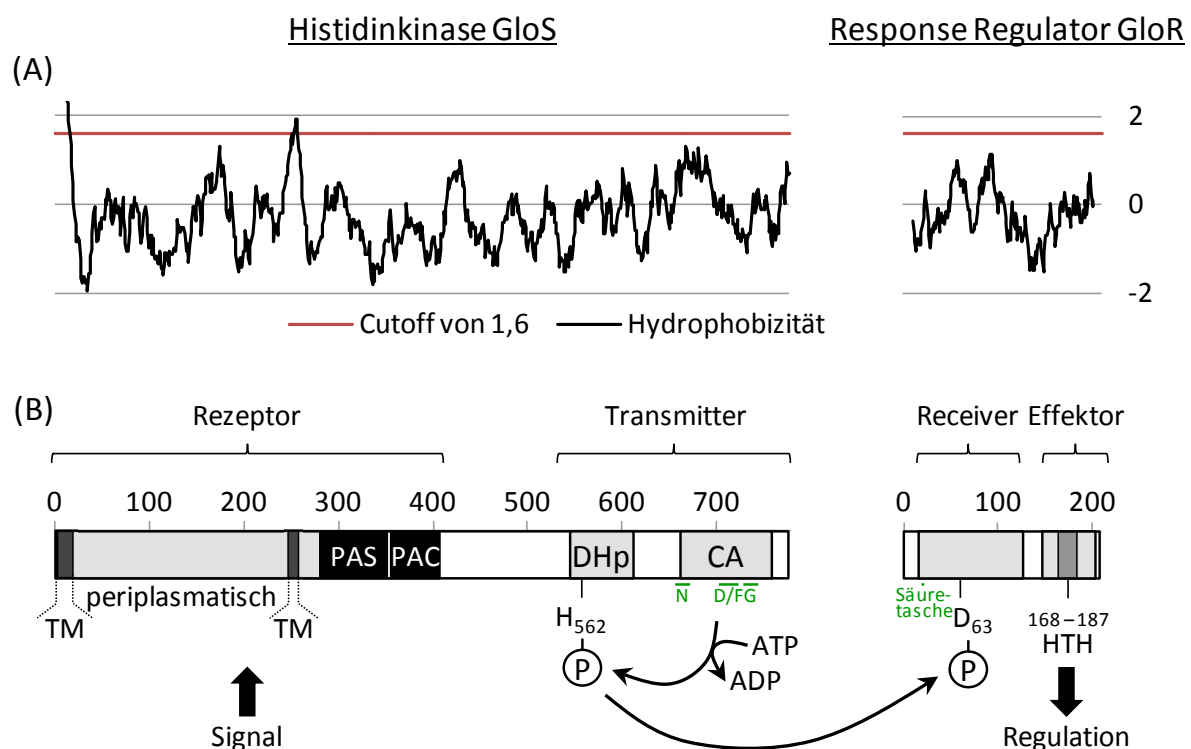


Abbildung 19 In-silico-Analyse des Zweikomponentensystems GloS/R. (A) Hydrophobizitätsprofil. Gemäß der Hydrophobizitätsskala von Zumft *et al.* (1988) und Kyte & Doolittle (1982) wurde jedem Intervall von 11 Aminosäuren (x-Achse) die durchschnittliche Hydrophobizität zugeordnet (y-Achse). Hydrophobizitätswerte größer als 1,6 (rote Linie) deuten stark auf die Bildung einer Transmembranhelix hin. (B) Domänenorganisation. Dargestellt ist das Monomer der Histidin-Kinase mit der N-terminalen Rezeptor- und C-terminalen Transmitterdomäne. In der Transmitterdomäne befindet sich die Dimerisierungsdomäne (DHp), in dem das als Phosphoakzeptor dienende Histidin H₅₆₂ liegt, sowie die für die Übertragung eines Phosphatrestes verantwortliche katalytische Domäne mit ATP-Binderegion (CA). Die grünen Balken indizieren die charakteristischen N-, D/F- bzw. G-Boxen. Der Response Regulator besteht aus einer N-terminalen Receiverdomäne, die die Säuretasche und den phosphorylierbaren Aspartatrest enthält, sowie einer C-terminalen Effektor-domäne mit dem DNA-bindenden HTH-Motiv. An der Skala oberhalb der schematisch dargestellten Proteine lassen sich die Aminosäurepositionen abschätzen.

3.3.2 Hohe Sequenzähnlichkeit zum Regulationssystem BphP/Q der Katabolitrepression des Biphenylabbaus in *Acidovorax* sp. KKS102

Die Proteinsequenzen von GloS/R wurden mit den Sequenzen der nicht-redundanten Datenbank des NCBI Servers verglichen. Dabei zeigte das Zweikomponentensystem BphP/Q aus *Acidovorax* sp. (ehemals *Pseudomonas* sp) KKS102 mit 47 % Sequenzidentität zwischen den Histidin-Kinasen und 69 % Identität zwischen den Regulatorkomponenten die höchste Ähnlichkeit. Für das System BphP/Q gibt es Befunde, dass es in der Succinat-vermittelten Katabolitrepression der Biphenyldegradation beteiligt ist (Ohtsubo *et al.*, 2006). Des Weiteren erzielte das Zweikomponentensystem DctS/R aus *Rhodobacter capsulatus* Sequenzidentitäten von bis zu 44 % zum C-Term der Histidin-Kinase GloS und 39 % zum Response Regulator GloR. DctS/R kontrolliert die Expression der Gene eines hochaffinen C4-Dicarboxylat-Transporters in Antwort auf Änderungen des intrazellulären Energie- bzw. Redoxlevels (Hamblin *et al.*, 1993). Zudem zeigte der Response Regulator GloR Ähnlichkeit zu FixJ aus *Bradyrhizobium japonicum* (45 % Sequenzidentität). Die O₂-bindende PAS-Domäne der dazugehörigen Histidin-Kinase FixL war mit 42 % identisch zur PAS-Domäne von GloS. PAS/PAC-Domänen tragen oft Cofaktoren wie Häm, Flavinadenindinukleotid (FAD) oder Flavinmononukleotid (FMN). Im Zuge der NCBI-gestützten Domänensuche wurde in der PAS/PAC-Domäne von GloS eine Häm-Koordinationstasche postuliert. Ein konserviertes Histidin für die axiale Häm-Koordination, wie es im FixL aus *B. japonicum* an Position 200 vorkommt (Gilles-Gonzalez & Gonzalez, 2004; Gong *et al.*, 1998), konnte jedoch nicht identifiziert werden. Das Ergebnis eines multiplen Sequenzvergleiches mit den genannten Histidin-Kinasen und Response Regulatoren ist im Anhang in Abbildung 41 bzw. Abbildung 42 dargestellt. Von besonderem Interesse für Aussagen zur physiologischen Bedeutung eines Zweikomponentensystems sind die Rezeptordomäne der Histidin-Kinase und die Effektdomäne des Response Regulators. Der periplasmatische Bereich und die beiden transmembranen Regionen in GloS zeigten die höchste Abdeckung mit BphP (BphP: 34 % Identität und 54 % Ähnlichkeit, DctS: 24 % Identität und 41 % Ähnlichkeit). FixL ist nachweislich ein lösliches Protein und weist keine Transmembranregion auf (Gilles-Gonzalez *et al.*, 1994). Die Sequenzen von GloR und BphQ zeigten im HTH-Motiv 100 % Übereinstimmung. Die hohe Sequenzähnlichkeit zum BphP/Q-System über den gesamten Sequenzbereich beider Komponenten hinweg legte die Vermutung nahe, dass auch GloS/R an der Kontrolle der Verwertung alternativer Kohlenstoff-Quellen in *R. eutropha* beteiligt sein könnte.

3.3.3 GloR beeinflusst die Expression der Hydrogenasegene

Um der Frage nach der Bedeutung des Zweikomponentensystems für die lithoautotrophe Lebensweise nachzugehen, wurde *gloR* im Wildtyp *R. eutropha* H16 *in frame* deletiert (siehe Kapitel 2.10). Die Reinigung der Transkonjuganten erfolgte auf Succinat-basiertem Medium. Der resultierende Stamm HF1042 ($\Delta gloR$) wurde mittels Kolonie-PCR auf die zu erwartenden im Vergleich zum Wildtyp verkürzt synthetisierten DNA-Fragmente der *gloR*-Genregion sowie durch Sequenzierung dieser auf eine fehlerfreie Sequenz hin überprüft. Das Ergebnis der erfolgreichen Deletion inklusive der fehlerfreien Sequenz der verbliebenen *gloR*-Region ist in Abbildung 43 und Abbildung 44 im Anhang dokumentiert.

Zunächst sollte das Wachstum von Wildtyp H16 und $\Delta gloR$ mit H_2/CO_2 sowie auf Succinat untersucht werden. Die Wachstumskurven sind in Abbildung 20 dargestellt. Die Anzucht ergab für $\Delta gloR$ mit einer Wachstumsrate von $0,147\ h^{-1}$ (Verdopplungszeit: 6,8 h) ein deutlich verringertes H_2/CO_2 -basiertes Wachstum gegenüber dem Wildtyp (Wachstumsrate: $0,178\ h^{-1}$, Verdopplungszeit: 5,6 h). Für die Anzucht auf Succinat waren keine Wachstumsdifferenzen zwischen Wildtyp und Mutante festzustellen.

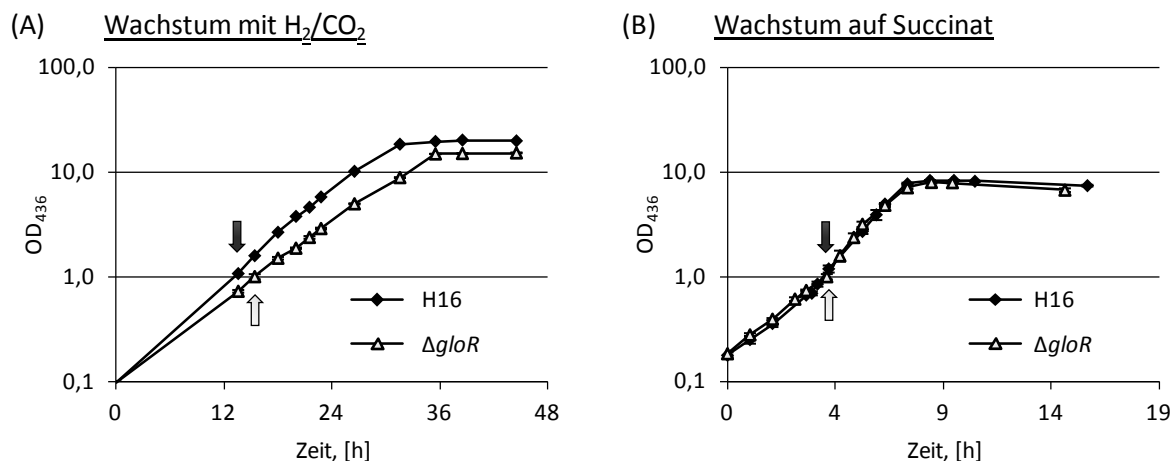


Abbildung 20 Wachstum des Wildtyps H16 und $\Delta gloR$ im Schüttelkolben. Dargestellt ist jeweils das Mittel zweier biologischer Replikate beim Wachstum (A) mit H_2/CO_2 und (B) auf Succinat. Die Pfeile markieren die Erntepunkte von Zellen für nachfolgende Expressions- und Aktivitätsuntersuchungen.

Die Expression von *gloR* und *gloS* bei einer OD_{436} von eins wurde mittels qRT-PCR bestimmt. Die Ergebnisse sind in Abbildung 21 dokumentiert. Wie erwartet wurden in $\Delta gloR$ keine *gloR*-Transkripte gebildet. Weiterhin zeigten die Expressionswerte, dass die Transkriptmenge unter lithoautotrophen Bedingungen im Vergleich zur Succinatanzucht im Wildtyp auf mehr als das Dreifache für *gloR* und auf das Doppelte für

gloS erhöht war. Das Zweikomponentensystem zeigte damit auf Transkript- wie auch auf Proteinebene (Vergleich siehe Abschnitt 3.1.13) eine erhöhte Abundanz in lithoautotroph gewachsenen Zellen. Als weiteres Ergebnis der Untersuchung ist festzuhalten, dass in $\Delta gloR$ verglichen zum Wildtyp die Expression des Histidin-Kinasegens *gloS* deutlich reduziert vorlag.

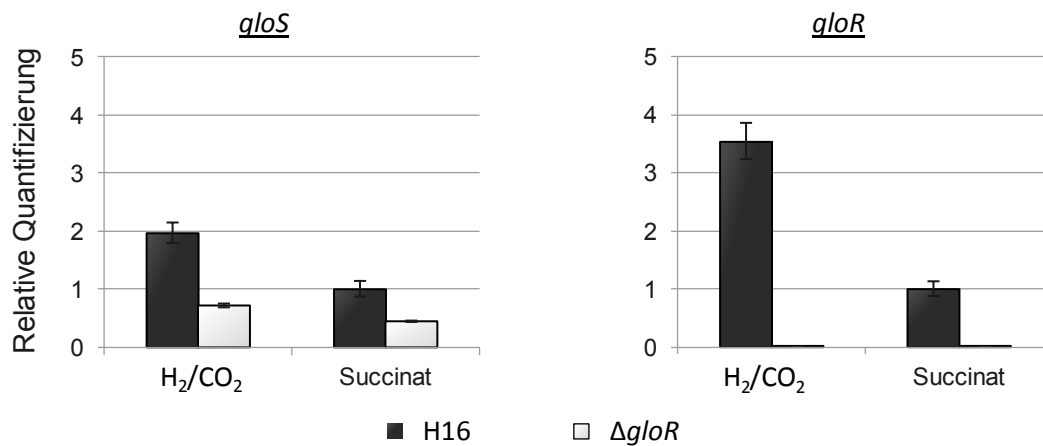


Abbildung 21 Transkription von *gloS/R*. Untersucht wurden die Stämme H16 und $\Delta gloR$ beim Wachstum mit H₂/CO₂ und auf Succinat bei einer OD₄₃₆ von eins. Die Expressionswerte wurden in zwei voneinander unabhängigen Durchgängen mittels qRT-PCR bestimmt. Die relative Quantifizierung erfolgte durch Normierung auf den Wert von H16 beim Wachstum auf Succinat.

Eine weitere Expressionsstudie sollte klären, inwieweit die Deletion von *gloR* die Expression der Gene der Schlüsselenzyme der lithoautotrophen Lebensweise beeinträchtigt. Hierzu wurden die Transkriptmengen (I) von *hoxF*, dem Gen der Diaphoraseuntereinheit der SH, stellvertretend für das SH-Operon, (II) von *hoxK* als erstes Gen des MBH-Operons und (III) von *cbbL*, dem Gen der großen Untereinheit der RuBisCO, mittels qRT-PCR gemessen. Unter lithoautotrophen Bedingungen war für alle drei Gene eine Reduktion der Expression in der Mutante verglichen mit dem Wildtyp zu vermerken (Abbildung 22, A). Bezüglich *hoxF* wurden nur noch 17 % der Wildtyp-Expression gemessen. Die Menge an *hoxK*- und *cbbL*-Transkripten in $\Delta gloR$ betrug 42 % bzw. 58 % der Wildtyp-Menge. In den Succinat-Anzuchten blieben die *hoxF*- und *cbbL*-Transkriptmengen durch die *gloR*-Deletion unberührt (Abbildung 22, B).

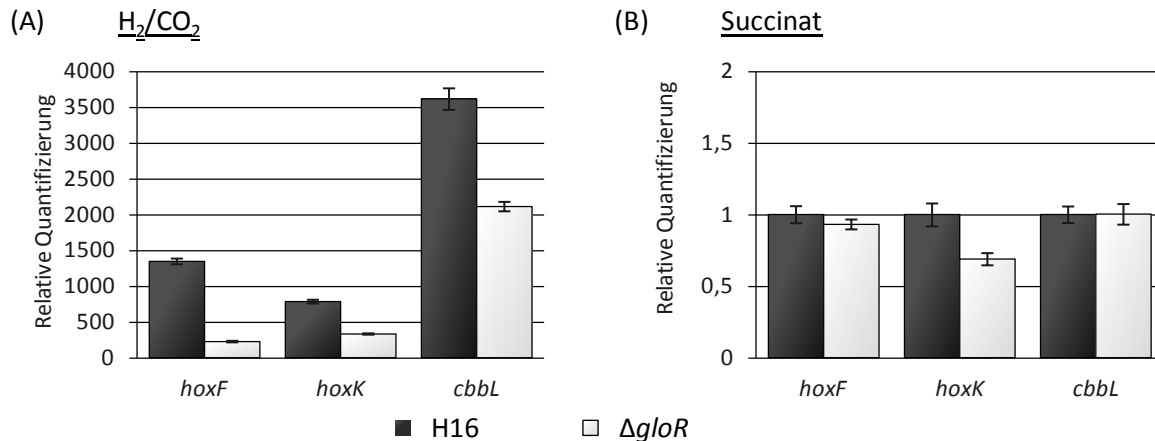


Abbildung 22 Expression von *hoxF*, *hoxK* und *cbbL*. Untersucht wurden die Stämme H16 und $\Delta gloR$ beim Wachstum (A) mit H_2/CO_2 und (B) auf Succinat bei OD_{436} gleich eins. Die Expressionswerte wurden in zwei voneinander unabhängigen Durchgängen mittels qRT-PCR bestimmt. Die relative Quantifizierung erfolgte durch Normierung auf den Wert von H16 beim Wachstum auf Succinat.

Lediglich *hoxK* wies mit 70 % des Wildtyp-Niveaus eine leicht verringerte Expression auf. Im Folgenden sollte geklärt werden, inwiefern sich die *gloR*-Deletion auf die Proteinmenge und Aktivität der SH und MBH auswirkt. Ein Immunblot mit dem im SDS-Gel aufgetrennten Proteinextrakt lithoautotroph gewachsener Zellen der späten exponentiellen Phase (OD_{436} gleich 10) zeigte, dass auch auf Proteinebene eine reduzierte Menge an SH- und MBH-Untereinheiten in der Response-Regulator-Mutante vorlag (Abbildung 23, A).

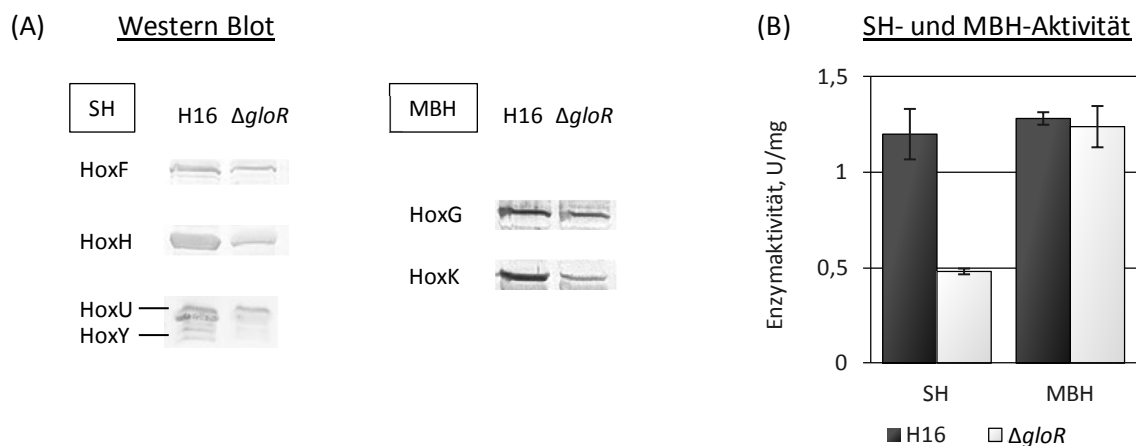


Abbildung 23 Untersuchungen zum Einfluss der *gloR*-Mutation auf die Expression und Aktivität der SH und MBH. (A) Nachweis der SH- und MBH-Untereinheiten mittels Immunblot in lithoautotroph gewachsenen Zellen einer Schüttelkolben-Anzucht bei OD_{436} gleich 10. (B) Messung der spezifischen Hydrogenaseaktivität der SH im löslichen Extrakt und der MBH im resuspendierten Pellet der lithoautotroph gewachsenen Kultur (OD_{436} gleich 10). Als künstliche Elektronenakzeptoren dienten NAD^+ bzw. Methylenblau.

Zudem wurde die Hydrogenase-Aktivität im löslichen Zellextrakt (SH-Aktivität) und im resuspendierten Zellpellet (MBH-Aktivität) bestimmt (Abbildung 23, B). Für die SH wurden in $\Delta gloR$ nur noch 40 % der Wildtyp-Aktivität gemessen. Die Messung der MBH-Aktivität ergab keine signifikanten Unterschiede zwischen Wildtyp und Mutante.

Aus diesen Befunden lässt sich zumindest die reduzierte SH-Aktivität, als Folge einer verringerten Transkription des SH-Operons, in Zusammenhang mit dem beobachteten Wachstumsdefizit der *gloR*-Mutante unter lithoautotrophen Bedingungen (siehe Abbildung 20) bringen. Zudem lassen die vorliegenden qRT-PCR-Ergebnisse bezüglich *cbbL*, als erstes Gen des chromosomal und Megaplasmid-codierten *cbb*-Operons (Kusian & Bowien, 1997), einen negativen Einfluss der *gloR*-Deletion auf den autotrophen Stoffwechsel vermuten. Dies könnte ein weiterer Grund für das verringerte Wachstum der Mutante auf H_2/CO_2 sein.

3.3.4 *gloS/R* liegen in unmittelbarer Nähe zu den Genen des Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes

Funktionell miteinander verknüpfte Proteine weisen oft eine örtliche Nähe ihrer Gene innerhalb des Genoms auf. Die Gene für das Zweikomponentensystem *GloS/R* sind direkt nebeneinander auf dem Chromosom 1 lokalisiert (Abbildung 24).

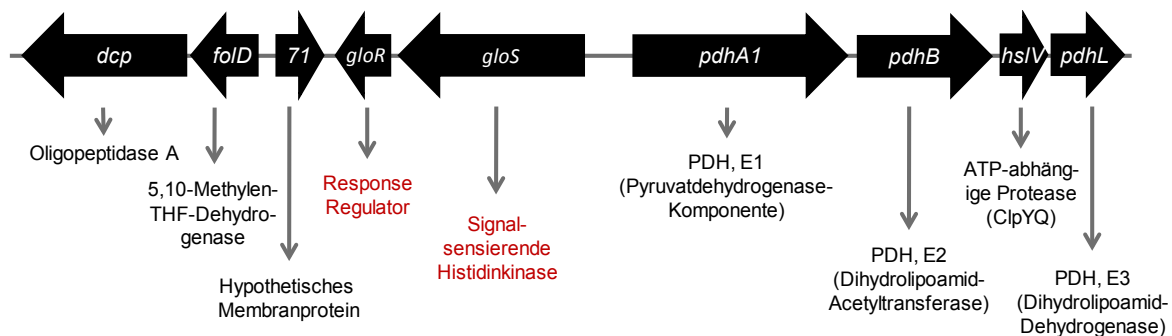


Abbildung 24 Genetische Organisation der *gloS/R*-Region in *R. eutropha*. Die Gene sind als Pfeile dargestellt, wobei die Pfeilspitzen die Richtung der Transkription angeben. Die Gene für den Pyruvat-Dehydrogenase-Komplex werden in entgegengesetzter Richtung transkribiert.

Stromaufwärts befinden sich die in entgegengesetzter Richtung transkribierten Gene *pdhA1*, *pdhB* und *pdhL*, welche für die drei Komponenten des Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes (PDH) Pyruvat-Dehydrogenase (E1), Dihydrolipoamid-Acetyltransferase (E2) bzw. Dihydrolipoamid-Dehydrogenase (E3) codieren (Hein & Steinbüchel, 1994). Stromabwärts wurde der Locus eines hypothetischen Membranproteins kartiert sowie *folD* und *dcp*, die Gene für die 5,10-Methylen-THF-Dehydrogenase bzw. die

Oligopeptidase A. Der Vergleich der *gloS/R*-Genregion mit Homologen in anderen Organismen (siehe Abbildung 40 im Anhang) zeigte, dass die im Genom von *R. eutropha* vorliegende Genanordnung innerhalb der β -Proteobakterien konserviert ist. Inwieweit das Zweikomponentensystem einen Einfluss auf die Expression von *pdhA1* hat, wurde mittels qRT-PCR untersucht. In Abbildung 25 ist die Genexpression von *pdhA1* in mit H_2/CO_2 - und auf Succinat-gewachsenen Zellen des Wildtyps und der Response-Regulator-Mutante grafisch dargestellt.

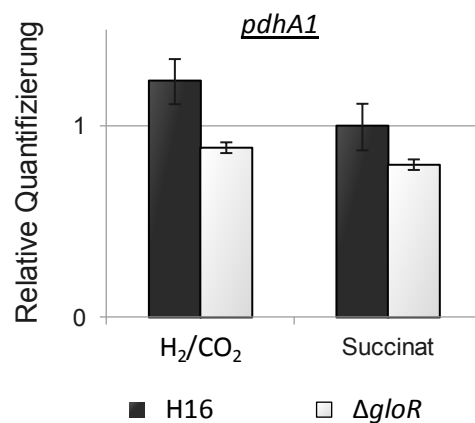


Abbildung 25 Expression von *pdhA1*. Untersucht wurden die Stämme H16 und $\Delta gloR$ während des exponentiellen Wachstums (OD_{436} von eins) mit H_2/CO_2 und auf Succinat. Die Expressionswerte wurden durch zwei voneinander unabhängige Messungen mittels qRT-PCR bestimmt. Die relative Quantifizierung erfolgte durch Normierung auf den Wert von H16 beim Wachstum auf Succinat.

Zwei grundlegende Beobachtungen konnten den Ergebnissen der Expressionsanalyse entnommen werden: (I) Die *pdhA1*-Expression in der Mutante lag mit 72 % (H_2/CO_2) und 80 % (Succinat) für beide Bedingungen deutlich unter dem Expressionsniveau im Wildtyp, was auf eine direkt oder indirekt positive Wirkung von GloR auf die *pdhA1*-Transkriptmenge hinweist. (II) Wildtyp und Mutante zeigten beim Wachstum mit H_2/CO_2 mehr *pdhA1*-Transkripte als auf Succinat. In der Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise (siehe Abschnitt 3.1.9) waren die Komponenten des Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes hingegen unter H_2/CO_2 verglichen mit dem Wachstum auf Succinat zweifach runterreguliert. Dies lässt annehmen, dass die Synthese und/oder der Abbau der Komponenten der Pyruvat-Dehydrogenase einem komplexen Regulationsmechanismus auf Transkript- und Proteinebene unterliegen.

3.3.5 Der H_2 -Effekt ist in $\Delta gloR$ nicht beeinflusst

In Abschnitt 3.3.2 wurde die hohe Sequenzähnlichkeit von GloS/R zu dem Regulationssystem BphP/Q der Katabolitrepression des Biphenylabbaus in *Acidovorax*

sp. KKS102 beschrieben. Sollte GloS/R in *R. eutropha* ebenso eine Funktion bei der Katabolitrepression inne haben? Die zweifache Hochregulation des Systems unter lithoautotrophen Bedingungen verglichen zum Wachstum auf Succinat könnte ein Hinweis sein, dass GloS/R an dem H₂-Effekt beteiligt ist. Unter dem H₂-Effekt ist

die H₂-vermittelte Hemmung des Wachstums auf diversen organischen Substraten unter CO₂-Abwesenheit zu verstehen (Blackkolb & Schlegel, 1968; Wilde, 1962). Exemplarisch wurde er von Schlesier & Friedrich (1982) für die Verwertung von Histidin untersucht. Der H₂-Effekt liegt danach unter anderem in der reprimierten Bildung der Histidin-abbauenden Enzyme begründet. Für die Verwertung von Succinat liegt eine derartige Repression nicht vor (Gottschalk, 1965). Die molekularen Grundlagen des H₂-Effekts sind bislang nicht bekannt. Inwieweit GloS/R am H₂-Effekt beteiligt ist, sollte ein einfaches Wachstumsexperiment mit dem *R. eutropha*-Wildtyp und der *gloR*-Deletionsmutante klären. Dazu wurden Agarplatten ohne organische Energie- und Kohlenstoffquelle (-) sowie supplementiert mit Histidin bzw. Succinat mit Zellen einer Glycerin-Vorkultur beimpft und bei 30°C an Luft, einem H₂/O₂-Gemisch sowie einem H₂/CO₂/O₂-Gemisch inkubiert. Das Wachstumsverhalten von Wildtyp und Mutante ist in Abbildung 26 zusammengefasst.

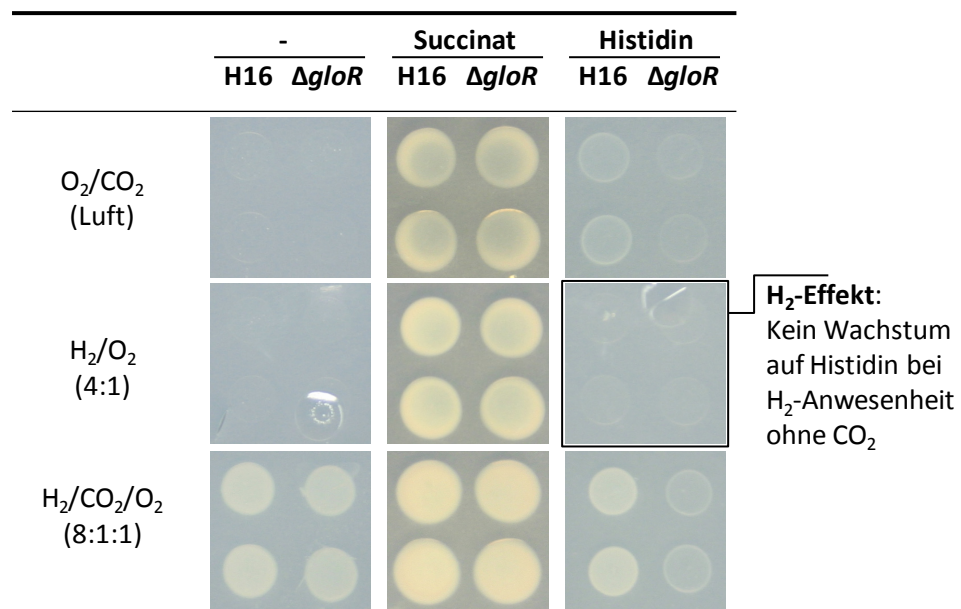


Abbildung 26 Einfluss der *gloR*-Mutation auf den H₂-Effekt. Je 2 x 10 µl einer in Glycerin-Medium gewachsenen und mit Phosphatpuffer gewaschenen Vorkultur von H16 und $\Delta gloR$ der OD₄₃₆ gleich zwei wurden auf die unterschiedlich supplementierten Agarplatten pipettiert und sechs Tage bei 30°C inkubiert.

Im Falle der Verwertung von Histidin ließ sich der H₂-Effekt für den Wildtyp reproduzieren: Obwohl eine organische Kohlenstoffquelle vorhanden war, erfolgte in dem H₂/O₂-Ansatz kein Wachstum auf Histidin. *ΔgloR* wies das gleiche Verhalten auf. Die *gloR*-Mutation hatte demnach keine offensichtlichen Auswirkungen auf den H₂-Effekt. Allerdings fiel eine andere phänotypische Erscheinung in den Referenzbedingungen (Anzucht unter Luft und H₂/CO₂/O₂) des Versuches auf: Das Wachstum der Mutante auf Histidin verlief signifikant langsamer als beim Wildtyp.

3.3.6 Die Expression des *hut*-Operons ist in *ΔgloR* stark reduziert

Der Histidinabbau in *R. eutropha* ist eingehend untersucht (Schlesier & Friedrich, 1982b). Histidin wird zu NH₄⁺, Formiat und Glutamat umgesetzt. Beteiligt sind die fünf Enzyme Histidase (H16_A3018, HutH), Urocanase (H16_A3017, HutU1), Imidazolpropionase (H16_A3015, HutI), Formiminoglutamat-Deiminase/Hydrolase (H16_A3014, HutF) und *N*-Formylglutamat-Amidohydrolase (H16_A3013, HutG1). Die Gene der Histidin-Verwertung liegen geclustert auf Chromosom 1 vor. In unmittelbarer Nähe der *hut*-Gene findet sich die genetische Information für einen putativen ABC-Transporter für Histidin (*h16_A3020-22*).

Um den Einfluss der *gloR*-Deletion auf die Synthese der Histidin-verwertenden Enzyme näher zu charakterisieren, wurde die Expression von *hutH*, *hutU1* und *h16_A3022* mittels qRT-PCR analysiert. Das Wachstum auf Histidin als Kohlenstoff-Quelle ist sehr langsam. Um ausreichend Zellmaterial für die qRT-PCR-Untersuchung zu gewinnen, wurde die Anzucht in einem Medium mit 0,08 % Succinat und 0,32 % Histidin durchgeführt. Als bevorzugtes Substrat wird zuerst Succinat von den Zellen vollständig verwertet und dann auf die Nutzung von Histidin umgeschaltet, was durch den biphasischen Verlauf der Wachstumskurve von H16 zum Ausdruck kam (siehe Abbildung 27 (A)). Wildtyp und Mutante zeigten mit Eintritt in die Phase der Histidin-Verwertung ein deutlich unterschiedliches Wachstumsverhalten. Der Wildtyp wuchs ca. 10-mal schneller als die Mutante. Kurz nach Beginn der Wachstumsphase auf Histidin wurden Zellproben für die qRT-PCR-Messungen entnommen. Das Ergebnis der Messung ist in Abbildung 27 (B) zusammengefasst. Von allen drei untersuchten Genen lagen deutlich weniger Transkripte in *ΔgloR* verglichen zum Wildtyp vor.

Histidin kann nicht nur als Kohlenstoff- sondern auch als Stickstoffquelle verwertet werden (Schlesier & Friedrich, 1982b). Wie durch die Abbildung 45 im Anhang verdeutlicht, führte das Wachstum in Succinatmedium, dem anstelle von NH₄⁺ Histidin als Stickstoffquelle zugegeben wurde, zu keinem veränderten Phänotyp von *ΔgloR*.

hinsichtlich des (A) Wachstumsverhaltens sowie (B) der Transkriptmengen von *hutH*, *hutU1* und *h16_A3022* im Vergleich zum Wildtyp. Der negative Einfluss der *gloR*-Deletion war damit auf das Wachstum mit Histidin als Kohlenstoff- und Energiequelle begrenzt.

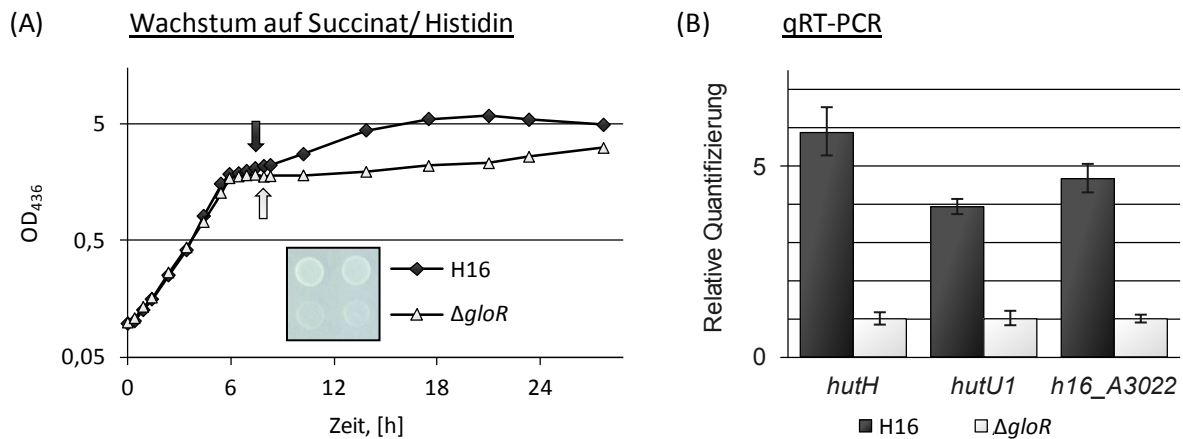


Abbildung 27 Untersuchung zur Verwertung von Histidin. (A) Biphasisches Wachstum in Minimalmedium mit Succinat und Histidin als Energie- und Kohlenstoffquellen. Die Pfeile markieren die Zeitpunkte der Entnahme von Zellmaterial I) für einen Kontrollwachstumstest auf Histidin-supplementierter Minimalmediumagarplatte und II) für qRT-PCR-Experimente. (B) Studie mittels qRT-PCR zur Expression des Histidasegens (*hutH*), Urocanasegens (*hutU1*) sowie des Gens der periplasmatischen Untereinheit (*h16_A3022*) eines putativen Histidintransporters. Die relative Quantifizierung erfolgte separat für jedes Transkript durch Normierung auf den Wert von $\Delta gloR$.

Um der Frage nachzugehen, inwieweit das Zweikomponentensystem auch bei der Verwertung anderer Aminosäuren als Kohlenstoff- und Energiequelle involviert ist, wurden Hochdurchsatz-Wachstumsversuche auf Glutamat, Glutamin, Threonin, Phenylalanin, Arginin, Leucin und Prolin sowie auch auf Histidin durchgeführt. Von der Untersuchung des Wachstums auf Tyrosin wurde aufgrund der schweren Wasserlöslichkeit der Aminosäure ($0,38 \text{ g} \cdot \text{l}^{-1}$ bei 20°C) abgesehen. Stattdessen sollte die Wachstumsstudie mit Phenylalanin hinreichend sein, da für *R. eutropha* bekannt ist, dass der Abbau von Phenylalanin über Tyrosin erfolgt (Friedrich & Schlegel, 1972).

Wildtyp und Mutante wurden dazu ausgehend von einer Succinat-Vorkultur in Mikrotiterplatten über drei Tage bei 30°C im SpectraMax angezogen. Das Wachstum von je drei biologischen Replikaten wurde stündlich durch OD-Messung protokolliert. Die Wachstumskurven inklusive der Wachstumsraten sind in Abbildung 28 wiedergegeben. Auf den Substraten Glutamat, Glutamin und Leucin zeigten die beiden Stämme zueinander ähnliche Wachstumsprofile und Wachstumsraten. Für die Verwertung von Histidin, Prolin, Alanin und Threonin traten deutliche Wachstumsdefizite seitens der Mutante auf. Auf Phenylalanin zeigte $\Delta gloR$ im Gegensatz zum Wildtyp kein Wachstum.

Glutamat, Glutamin, Histidin und Prolin gelangen bei ihrer Verwertung über α -Ketoglutarat in den TCA-Zyklus. Leucin, Threonin und Phenylalanin werden über Acetyl-CoA in den zentralen Stoffwechsel eingeschleust. Trotz gemeinsamer Abbauintermediate der Substrate waren für deren Verwertung unterschiedliche wachstumsinhibierende Effekte für die Response-Regulator-Mutante im Vergleich zum Wildtyp zu verzeichnen. Die Auswirkung der *gloR*-Deletion schien daher unabhängig von der Position zu sein, an der die Abbauprodukte der Substrate in den zentralen Kohlenstoffwechsel fließen. Vielmehr zeichnete sich ab, dass Substrate, die von vornherein ein gutes Wachstum ermöglichen (Succinat, Glutamat, Glutamin), keine Wachstumsdefizite herbeiführten, wohingegen die Anzucht auf schlechten Substraten wie Phenylalanin und Histidin durch starke Wachstumseinbußen charakterisiert war.

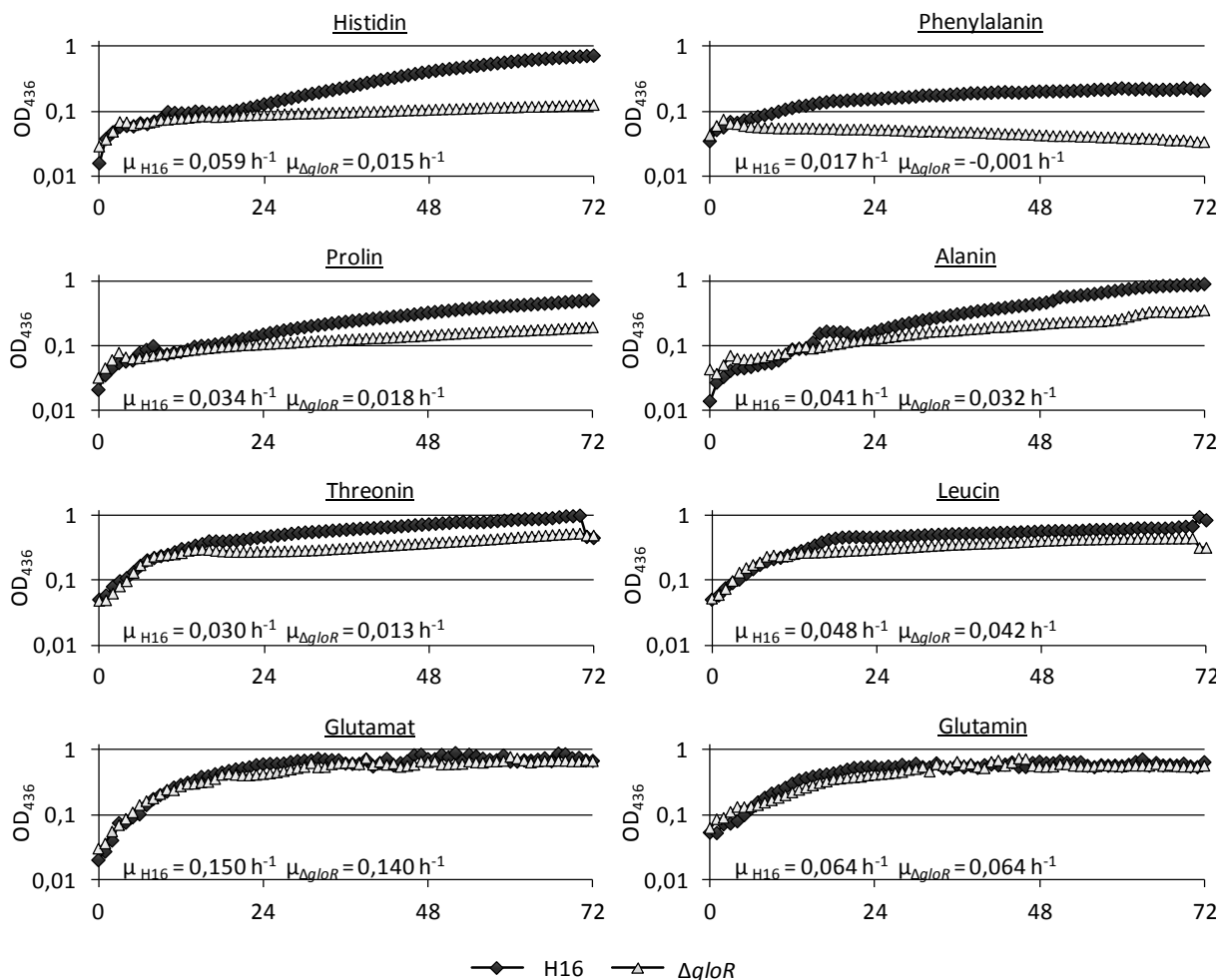


Abbildung 28 Wachstum von H16 und $\Delta gloR$ auf verschiedenen Aminosäuren. Repräsentativer Wachstumsverlauf einer von vier Mikrotiterplatten-Anzuchten, die im SpectraMax über drei Tage bei 30°C durchgeführt wurden. Jeder Messpunkt stellt das Mittel aus drei biologischen Replikaten pro Platte dar. Angeimpft wurde mit in H16-Puffer gewaschenen Zellen einer Succinat-Anzucht der beiden Stämme mit einer OD₄₃₆ zwischen eins und drei. Die angegebenen Wachstumswerten stellen Mittelwerte aller vier Anzuchten dar.

3.3.7 Differenzielles Wachstum von *ΔgloR* auf Intermediaten des TCA-Zyklus und anderer C2- und C3-Verbindungen

Um der vorangegangenen These zu folgen, widmeten sich weitere Wachstumsuntersuchungen der Verwertung von Intermediaten des TCA-Zyklus (Citrat, α -Ketoglutarat, Fumarat und Malat) sowie der Substrate Acetat, Pyruvat und Glycerin. Die Wachstumskurven sind in Abbildung 29 zusammengefasst.

Auf α -Ketoglutarat zeigte die Mutante im Gegensatz zum Wildtyp kein Wachstum. Ein Plattentest bestätigte das Ergebnis. Wachstumsdifferenzen waren auch auf Pyruvat zu verzeichnen. Mit einer Wachstumsrate von $0,016 \text{ h}^{-1}$ wuchs die Mutante ca. dreimal langsamer als der Wildtyp ($0,057 \text{ h}^{-1}$).

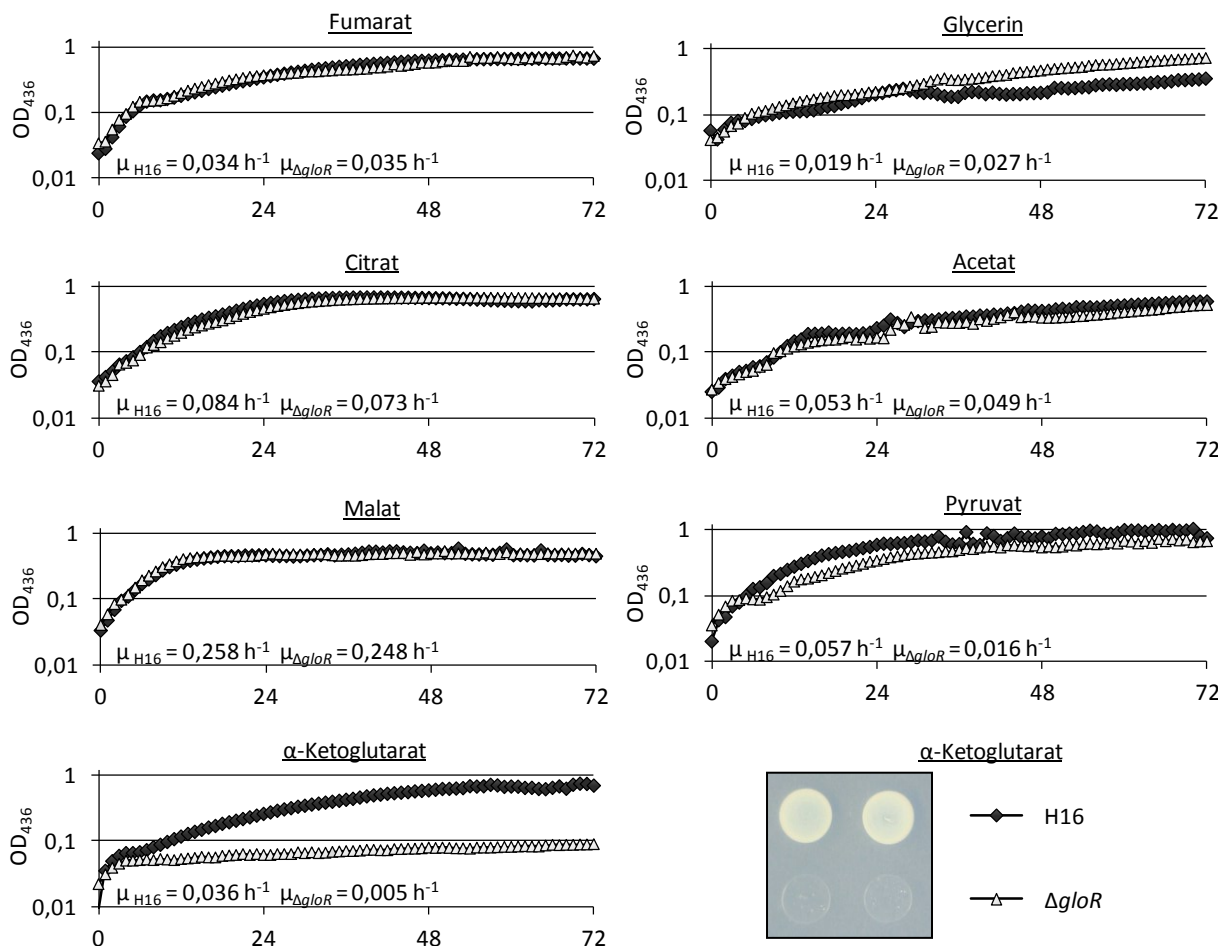


Abbildung 29 Wachstum von H16 und *ΔgloR* auf Intermediaten des TCA-Zyklus und anderen C2- und C3-Verbindungen. Repräsentativer Wachstumsverlauf einer von vier Mikrotiterplatten-Anzuchten, die im SpectraMax über drei Tage bei 30°C durchgeführt wurden. Jeder Messpunkt stellt das Mittel aus drei biologischen Replikaten pro Platte dar. Angeimpft wurde mit in H16-Puffer gewaschenen Zellen einer Succinat-Anzucht der beiden Stämme mit einer OD_{436} zwischen eins und drei. Die angegebenen Wachstumsraten stellen Mittelwerte aller Anzuchten dar. Zur Verifizierung des *ΔgloR*-Phänotyps auf α -Ketoglutarat wurden 10 μl der Vorkulturen zudem auf eine mit α -Ketoglutarat supplementierten Minimalmediumagarplatte geimpft. Das Wachstum wurde sechs Tage nach Beimpfen der Platte dokumentiert.

Auffallend war der Wachstumsverlauf auf Glycerin. In vier voneinander unabhängigen Versuchen zeigte die Mutante bei fortgeschrittener Kultivierungszeit höhere Wachstumsraten ($\emptyset\mu_{\Delta}=0,027 \text{ h}^{-1}$) verglichen mit dem Wildtyp ($\emptyset\mu_{H16}=0,019 \text{ h}^{-1}$). Die *gloR*-Mutation wirkt sich damit äußerst differenziell auf die Verwertung der untersuchten Substrate aus. Die Vermutung, dass die Mutante bei der Verwertung allgemein bevorzugter Substrate wie Pyruvat keine Wachstumsdifferenzen aufweist und dass eher schlechtere Kohlenstoff- bzw. Energiequellen wie Glycerin ein vermindertes Wachstum verglichen mit dem Wildtyp hervorrufen, wurde damit nicht bestätigt.

3.3.8 GloR ist essentiell für das Wachstum auf Fructose

In weiteren Versuchen zeigte $\Delta\textit{gloR}$ kein Wachstum auf Fructose. Fructose wird über den Entner-Doudoroff-Weg abgebaut. Die korrespondierenden Gene liegen zusammen mit denen für den potentiellen ABC-Transporter von Fructose in einem Cluster auf Chromosom 2 (Pohlmann *et al.*, 2006). Um den Einfluss der *gloR*-Deletion auf die Expression der am Transport und Abbau von Fructose beteiligten Gene zu untersuchen, wurde repräsentativ die Expression von *frcA* (Gen für die ATPase-Untereinheit des Transporters), *frcK* (Gen für die Fructokinase) und *frcR* (Transkriptionsregulatorgen) analysiert. Als Ausgangsmaterial dienten Zellen, die in einem Medium mit 0,08 % Succinat und 0,32 % Fructose angezogen wurden. Der Wildtyp zeigte ein biphasisches Wachstumsverhalten (Abbildung 30, (A)). Succinat wurde als bevorzugte Kohlenstoff-

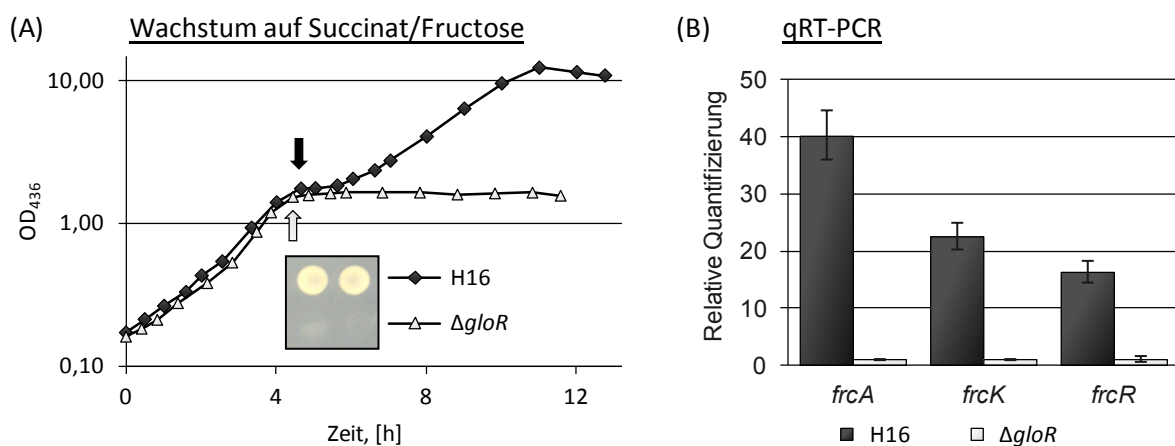


Abbildung 30 Untersuchung zur Verwertung von Fructose. (A) Biphasisches Wachstum in Minimalmedium mit Succinat und Fructose als Energie- und Kohlenstoffquelle. Die Pfeile markieren die Zeitpunkte der Entnahme von Zellmaterial I) für einen Kontrollwachstumstest auf Fructoseplatten und II) für qRT-PCR-Experimente. (B) Studie mittels qRT-PCR zur Expression der Gene des Fructosetransports (*frcA*), der Fructose-Verwertung (*frcK*) sowie des Regulators (*frcR*). Die relative Quantifizierung erfolgte separat für jedes Transkript durch Normierung auf den Wert von $\Delta\textit{gloR}$.

und Energiequelle als erstes verwertet. Nach einer *Lag*-Phase wuchsen die Zellen auf Fructose weiter. Im Falle der Mutante stagnierte das Wachstum, nachdem Succinat verbraucht war. Kurz nach Eintritt in die *Lag*- bzw. stationäre Phase wurde Zellmaterial für die Untersuchung mittels qRT-PCR geerntet (Abbildung 30, (B)). Im Wildtyp lagen die drei untersuchten Gene *frcA*, *frcK*, und *frcR* induziert vor. In $\Delta gloR$ konnte keine Expression nachgewiesen werden. Die Ergebnisse zeigen eindeutig, dass die Transkription des *frc*-Operons von GloR als Aktivator abhängig ist.

3.3.9 $\Delta gloR$ wächst nicht auf *N*-Acetylglucosamin

Neben Fructose werden auch *N*-Acetylglucosamin und die Zuckersäure Gluconat über den Entner-Doudoroff-Weg abgebaut. Inwieweit die Mutation von *gloR* die Verwertung dieser Substrate beeinflusst, sollten Wachstumsversuche zeigen. Dazu wurden für Wildtyp und Mutante, wie zuvor in 3.3.6 beschrieben, Wachstumskurven im SpectraMax aufgezeichnet. In Abbildung 31 sind die Ergebnisse wiedergegeben.

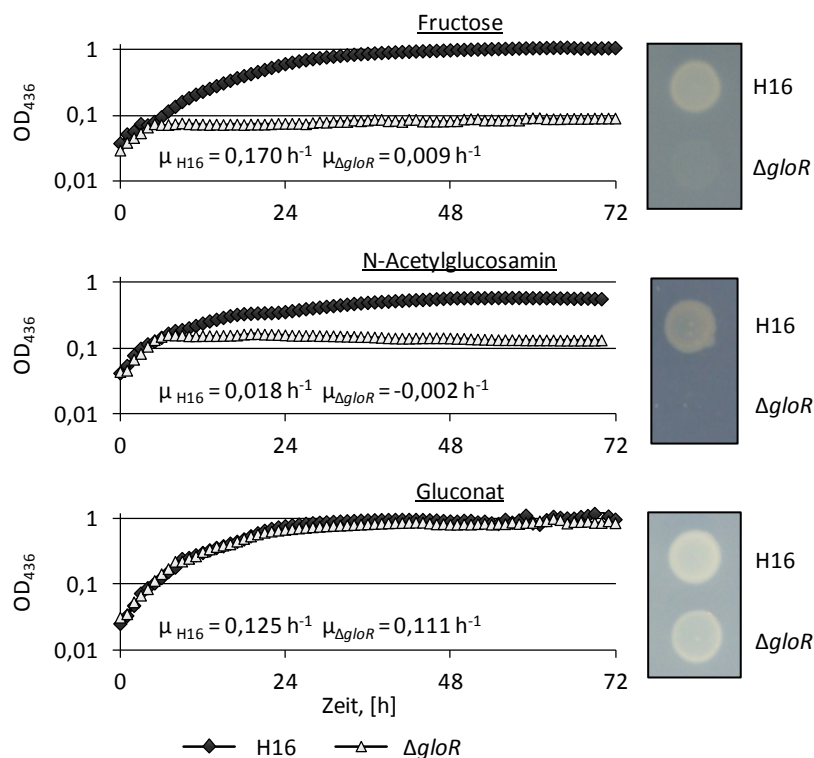


Abbildung 31 Wachstum von H16 und $\Delta gloR$ auf Fructose, *N*-Acetylglucosamin und Gluconat. Repräsentativer Wachstumsverlauf einer von mindestens zwei Mikrotiterplatten-Anzuchten über drei Tage bei 30°C im SpectraMax. Jeder Messpunkt ist Mittel dreier biologischer Replikate pro Mikrotiterplatte. Angeimpft wurde mit in H16-Puffer gewaschenen Zellen einer Succinat-Anzucht (OD_{436} eins bis drei). Die Wachstumsraten sind Mittelwerte aller Anzuchten. Nach Verdünnen der Vorkultur auf eine OD_{436} von eins wurden 10 μ l-Tropfen auf mit Fructose, *N*-Acetylglucosamin oder Gluconat supplementierte Minimalmediumagarplatten geimpft. Das Plattenwachstum wurde auf Fructose und Gluconat einen Tag und auf *N*-Acetylglucosamin 10 Tage nach Beimpfen dokumentiert.

Auf Gluconat zeigten Wildtyp und Mutante mit Wachstumsraten von $0,125 \text{ h}^{-1}$ bzw. $0,111 \text{ h}^{-1}$ ein ausgeprägtes Wachstum mit untereinander ähnlichen Wachstumsverläufen. In den Anzuchten mit *N*-Acetylglucosamin hingegen verhielten sich Wildtyp und Mutante sehr unterschiedlich. Während H16 mit einer durchschnittlichen Rate von $0,018 \text{ h}^{-1}$ wuchs, war für die Mutante kein Zellwachstum zu verzeichnen. Auf mit *N*-Acetylglucosamin supplementierten Agar-Platten war für die Mutante auch nach 10 Tagen Inkubation kein Zellrasen sichtbar. Diese Ergebnisse zeigen, dass die Deletion des Response Regulators GloR zum Unvermögen führt, auf *N*-Acetylglucosamin wachsen zu können. Der Response Regulator ist damit vermutlich essentiell für die Verwertung von *N*-Acetylglucosamin in *R. eutropha* H16.

3.3.10 Vor *frcR* liegt eine potentielle GloR-Bindestelle

In der Arbeit von Ohtsubo *et al.* (2006) zur Katabolit-regulierten Expression der Gene des Biphenylabbaus (*bph*) in *Acidovorax* sp. KKS102 wurde das Zweikomponentensystem BphP/Q als Aktivator des *bph*-Operons (*bphEGFA1A2A3BCDA4R*) identifiziert und eine Interaktion des Transkriptionsregulators BphQ mit der *bph*-Promotorregion nachgewiesen. Basensubstitutionen der Promotorregion innerhalb der Sequenz 5'-GGGTTTTCACGAG-3' führten zu einem Katabolit-insensitiven Phänotyp. Die Effektor-domänen von BphQ und GloR besitzen hohe Sequenzähnlichkeit zueinander. Innerhalb des für die DNA-Bindung wichtigen HTH-Motivs sind die Sequenzen zu 100 % identisch (siehe Abschnitt 3.3.2). Dies ließ ähnliche Erkennungssequenzen der Transkriptionsregulatoren vor ihren Zielgenen in *Acidovorax* und *R. eutropha* vermuten.

Hinsichtlich der in Abschnitt 3.3.8 und 3.3.9 beschriebenen Wachstumsinsuffizienz von ΔgloR auf Fructose und *N*-Acetylglucosamin wurden daher die Stromaufwärtsregionen vor den beiden Genclustern mit den genetischen Informationen für den Import und die Degradation der beiden Substrate über den Entner-Doudoroff-Weg, *frcRACB-zwf2-pgi2-frcK* und *nagFECAB-zwf1*, untersucht. Vor *frcR* und *nagF* fanden sich die Sequenzen 5'-GGGTTTCCCGCG-3' bzw. 5'-TGGTTTTCAC TGG-3', die in jeweils 10 (unterstrichen) von 13 Basen mit jener Sequenz vor dem *bph*-Operon in *Acidovorax* sp. KKS102 übereinstimmten. Sie stellen putative Bindestellen für GloR und damit die Möglichkeit zur Expressionskontrolle des *frc*- und *nag*-Operons durch den Response Regulator dar, was den essentiellen Charakter des Systems GloS/R für das Wachstum auf Fructose und *N*-Acetylglucosamin untermauert.

3.3.11 *In-silico*-Analyse gibt Hinweise zum Umfang des GloR-Regulons

Die vorangegangenen Untersuchungen (Abschnitt 3.3.4 bis 3.3.7) offenbarten Wachstumsdifferenzen von *ΔgloR* auf diversen Kohlenstoff- und Energiequellen. Dies legte die Vermutung nahe, dass GloR auch bei der Kontrolle der Expression der hier zum Transport und zur Verwertung benötigten Gene agiert und ihm damit eine globale Regulationswirkung zugesprochen werden kann.

Um weitere potentielle Zielgene im Genom von *R. eutropha* H16 zu definieren, wurde eine DNA-Matrix-Suche mit dem Programm GeneSOAP durchgeführt. Die verwendete DNA-Matrix wurde aus den drei oben benannten Sequenzen vor *bphE*, *frcR* und *nagF* erstellt und ist grafisch in Abbildung 32 wiedergegeben.

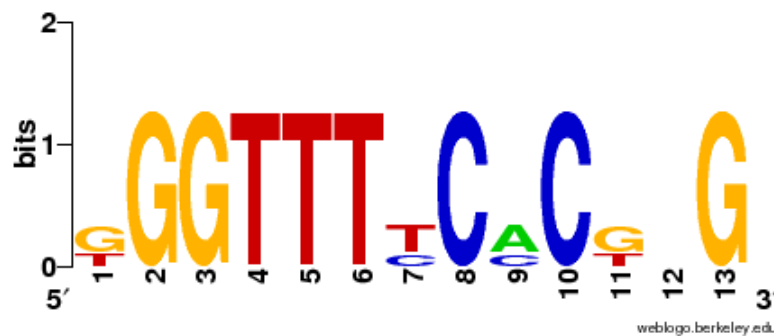
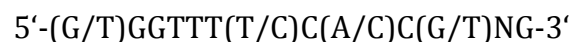


Abbildung 32 Konsensussequenz der putativen GloR-Bindesequenz. Die Höhe der Buchstabenstapel gibt an, wie stark konserviert die Sequenz an dieser Position ist. Die Höhe der einzelnen Buchstaben steht für die relative Häufigkeit der entsprechenden Base an dieser Position (Crooks *et al.*, 2004).

Tabelle 7 listet ausgehend von einer Stringenz von mindestens 86 % die Ergebnisse der DNA-Matrix-Suche auf. Danach besaßen 28 Gene innerhalb eines Bereichs von 150 bp vor ihrem Startcodon ein zu der Konsensussequenz



ähnliches Motiv. Funktionell konnten die Produkte von acht Genen Signaltransduktions- und Transkriptionsprozessen (*frcR*, *nosR*, *h16_A1563*, *h16_B2467*, *h16_A0048*, *h16_A0543*, *h16_A0599*, *h16_A2379*) und von vier Genen Transportprozessen (*nagF*, *lamB*, *h16_B1200*, *h16_B1807*) zugeordnet werden. Für sieben Gene war die Funktion unbekannt oder nur allgemein vorhersagbar (*h16_A0885*, *phcB*, *h16_B1635*, *h16_A2681*, *ubiE2*, *h16_B0728*, *h16_B0906*). Die größte Stringenz zur gesuchten DNA-Matrix zeigte ein Motiv vor *proS*, dem Gen der Prolyl-tRNA-Synthetase. Das Gen *proS* machte zudem auf sich aufmerksam, da es als einziges Gen der Suchergebnisse noch ein zweites Motiv in der untersuchten Stromaufwärtsregion enthielt.

Das Ergebnis der DNA-Matrix-Suche stützt die Vermutung, dass das Zweikomponentensystem bei der Kontrolle der Expression eines breiten Spektrums an Genen beteiligt ist. Es deutet auf ein globales Wirken von GloS/R hin und liefert Ansatzpunkte für die Interpretation des Mutantenphänotyps, auf einigen Substraten nicht, weniger gut oder sogar besser als der Wildtyp H16 wachsen zu können.

Tabelle 7 Identifizierung putativer GloR-Bindesequenzen im Genom von *R. eutropha* H16. Die Sequenzen wurden durch eine DNA-Matrix-Suche mit der Software GeneSOAP ausgehend von den sich ähnelnden Bereichen vor *bphE*, *frcR* und *nagF* mit der Konsensussequenz 5'-(G/T)GGTTT(T/C)C(A/C)C(G/T)NG-3' ermittelt. Aufgelistet sind jene Suchergebnisse, die eine Stringenz größer 85 %, einen Abstand zum nächstgelegenen Gen kleiner 150 bp und nicht mehr als eine Basenabweichung zur Konsensussequenz (grau hinterlegt) aufwiesen. Die Sequenzen sind in 5'-zu 3'-Richtung angegeben.

| Sequenz | Strang | Stringenz | Abstand | Gen | LocusTag | Operon-Vorhersage nach ProOpDB |
|----------------|--------|-----------|---------|------------------|-----------|---|
| GGGTTTTCCCGAG | - | 98 % | 26 bp | <i>proS</i> | H16_A3246 | proS – <i>h16_A3245</i> – <i>phy</i> |
| TGGTTTTCACTGG | + | 96 % | 88 bp | <i>nagF</i> | H16_A0311 | nagF – <i>nagE</i> |
| GGGTTTTCCCGCG | - | 96 % | 55 bp | <i>h16_A0885</i> | H16_A0885 | h16_A0885 – <i>h16_A0884</i> |
| GGGTTTTCCCGCG | + | 96 % | 65 bp | <i>frcR</i> | H16_B1497 | frcR – <i>frcA</i> – <i>frcC</i> – <i>frcB</i> – <i>zwf2</i> – <i>pgi</i> – <i>frcK</i> |
| TGGTTTTCCCTCG | - | 92 % | 27 bp | <i>nosR</i> | PHG251 | <i>nosZ</i> – nosR – <i>nosD</i> – <i>nosF</i> – <i>nosY</i> – <i>nosL</i> |
| GGGTTTTGCCCGGG | - | 94 % | 62 bp | <i>h16_A1563</i> | H16_A1563 | h16_A1563 – <i>h16_A1562</i> – <i>h16_A1561</i> – <i>h16_A1560</i> – <i>h16_A1559</i> – <i>hyi1</i> – <i>h16_A1557</i> |
| GGGTTTTCCCTAG | + | 94 % | 82 bp | <i>lamB</i> | H16_A3689 | - |
| GGGTTTTCCCGGG | - | 92 % | 23 bp | <i>h16_A2734</i> | H16_A2734 | h16_A2734 – <i>ispA</i> – <i>dxs</i> |
| GGGTTTTCCCTGG | - | 92 % | 9 bp | <i>phcB</i> | H16_A3120 | phcB – <i>phcS</i> – <i>phcR</i> – <i>h16_A3117</i> |
| GGGTTTTCCCGGG | + | 88 % | 56 bp | <i>phaB1</i> | H16_A1439 | <i>phaC1</i> – <i>phaA</i> – phaB1 |
| GGGTTTTCCACGAG | - | 88 % | 8 bp | <i>h16_A2575</i> | H16_A2575 | - |
| GGGTTTTCCCGGT | - | 88 % | 125 bp | <i>h16_B1200</i> | H16_B1200 | h16_B1200 – <i>h16_B1199</i> – <i>h16_B1198</i> – <i>h16_B1197</i> – <i>h16_B1196</i> |
| GGGTTTTCCATGAG | + | 88 % | 129 bp | <i>h16_B1635</i> | H16_B1635 | - |
| GGGTTTTCCCGCA | + | 88 % | 77 bp | <i>h16_B2467</i> | H16_B2467 | h16_B2467 – <i>h16_B2468</i> |
| GGGTTATCCCTAG | - | 86 % | 68 bp | <i>h16_A0048</i> | H16_A0048 | h16_A0048 – <i>hisJ</i> – <i>hisM</i> – <i>hisP</i> – <i>speB</i> |
| GGGTCTCCCGGG | - | 86 % | 109 bp | <i>h16_A0543</i> | H16_A0543 | h16_A0543 – <i>h16_A0542</i> – <i>h16_A0541</i> |
| GGGTTTTGCCTAG | + | 86 % | 64 bp | <i>h16_A0599</i> | H16_A0599 | - |
| GGGTTTTCCATAG | - | 86 % | 116 bp | <i>h16_A0922</i> | H16_A0922 | h16_A0922 – <i>h16_A0921</i> – <i>h16_A0920</i> |
| GGGGTTTCCCTAG | + | 86 % | 86 bp | <i>h16_A2379</i> | H16_A2379 | h16_A2379 – <i>h16_A2380</i> |
| GGGTTTCCAGTCG | + | 86 % | 88 bp | <i>h16_A2681</i> | H16_A2681 | - |
| GGTTTTCCCGAG | - | 86 % | 104 bp | <i>proS</i> | H16_A3246 | proS – <i>h16_A3245</i> – <i>phy</i> |
| TGGTTTTCCCGCT | + | 86 % | 77 bp | <i>h16_B0422</i> | H16_B0422 | <i>h16_B0418</i> – <i>h16_B0419</i> – <i>h16_B0420</i> – <i>h16_B0421</i> – h16_B0422 |
| TGGTTTTACCGGG | + | 86 % | 67 bp | <i>ubiE2</i> | H16_B0574 | <i>h16_B0573</i> – ubiE2 |
| GGGTTATCCCTAG | + | 86 % | 133 bp | <i>h16_B0728</i> | H16_B0728 | - |
| TGGTTTTCCCGGA | - | 86 % | 82 bp | <i>h16_B0906</i> | H16_B0906 | - |
| GGGTTTCCACTGT | + | 86 % | 106 bp | <i>h16_B1807</i> | H16_B1807 | h16_B1807 – <i>h16_B1808</i> – <i>h16_B1809</i> – <i>h16_B1810</i> |
| GGTTTTTCCCGCG | - | 86 % | 107 bp | <i>h16_B2109</i> | H16_B2109 | - |
| GGGTTTTCCCTGT | + | 86 % | 98 bp | <i>h16_B2148</i> | H16_B2148 | - |

4. Diskussion

4.1 Hochdurchsatz-Proteomik zur Studie mikrobieller Systeme

Die Proteomik hat das Ziel der genomweiten Identifizierung von Proteinen (VerBerkmoes *et al.*, 2004). Dabei liegt die Durchführung einer Proteomanalyse meist in einem physiologischen, biotechnologischen oder medizinischen Interesse begründet (Han & Lee, 2006). Voraussetzung für die Untersuchung komplexer Proteinproben im Hochdurchsatz ist das Vorliegen der Genomsequenz. Mikroorganismen zeichnen sich durch vergleichsweise kleine Genome aus und können durch neue sogenannte DNA-Sequenzierungstechniken der nächsten Generation (*next generation sequencing*) mit moderatem finanziellen und zeitlichen Aufwand der Proteomik zugänglich gemacht werden (Armengaud, 2013; Tanca *et al.*, 2013). Dies ließ in den letzten Jahren die Zahl der Proteomarbeiten und damit auch den methodischen Fortschritt auf dem Gebiet der Proteomik stark ansteigen (Gu & Yu, 2014; Otto *et al.*, 2014; Welker, 2011). Die Weiterentwicklung der Tandem-Massenspektrometrie machte es möglich, mehrere MS/MS-Spektren pro Sekunde aufzunehmen. Gekoppelt mit der hochauflösenden Flüssigkeitschromatographie (LCMS/MS) drängen die sogenannten Hochdurchsatz-Methoden die konventionelle 2D-Gel-basierte Technik zur Proteomanalyse immer weiter in den Hintergrund (Armengaud, 2013; Hecker *et al.*, 2008).

In der Hochdurchsatz-Proteomik werden nicht Proteine massenspektrometrisch analysiert, sondern deren Peptide nach dem tryptischen Verdau der Proben. Dies erhöht zwar die Komplexität der Probe um ein Vielfaches, bietet jedoch auch den Vorteil einer wesentlich besseren Probenauftrennung via LC und damit das Potential, auch solche Peptide in der MS zu detektieren, die ihren Ursprung in schwer löslichen Proteinen haben (Wojtkiewicz *et al.*, 2014; Bantscheff *et al.*, 2007).

Die in dieser Arbeit durchgeführten Proteomstudien zur Untersuchung der Lebensweise von *R. eutropha* beim Wachstum mit H_2/CO_2 sowie unter anaeroben Bedingungen wurden im Hochdurchsatz-Verfahren mittels GeLCMS durchgeführt. Der Flüssigkeitschromatographie war hierbei eine Fraktionierung der Proteinproben durch ein eindimensionales SDS-Gel vorgeschaltet. Zur relativen Proteinquantifizierung wurden unterschiedliche Methoden angewandt. (I) Mittels metabolischer Markierung durch ^{15}N erfolgte der quantitative Vergleich der unter lithoautotrophen und organoheterotrophen Bedingungen gebildeten Proteine. (II) Die Untersuchung zum anaeroben Stoffwechsel basierte auf der markierungsfreien Methode des *spectral counting*, dem Zählen der Massenspektrenanzahl. Um ein möglichst umfangreiches Bild

vom Proteinbestand der Zellen unter den untersuchten Lebensbedingungen zu erhalten, wurden sowohl die lösliche als auch die Membranfraktion untersucht. Beide Proteomstudien dieser Arbeit zusammengefasst konnten 2.387 Proteine identifiziert werden. Dies entspricht 35 % des theoretischen Proteoms von *R. eutropha*. Bis auf einen geringen Anteil von 62 Proteinen wurden alle identifizierten Proteine der Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise auch in der Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise identifiziert. Die hohe Zahl identifizierter Proteine in der Proteomstudie zur anaeroben Lebensweise ist technisch bedingt, denn mit insgesamt 13 GeLCMS-Durchläufen (je drei Replikate für die aerobe Referenz sowie Zeitpunkt A und D + je eine Messung für die Zeitpunkte B, C, E und F) lag der Studie zur anaeroben Lebensweise eine mehr als doppelt so hohe Anzahl wie der Proteomstudie zur lithoautotrophen Lebensweise (je drei technische zweier biologischer Replikate, in dem die invers markierten Proben als Gemisch vorlagen) zu Grunde. Es ist bekannt, dass wiederholte LCMS/MS-Messungen der gleichen komplexen Peptidprobe zum Anstieg der Anzahl an Peptididentifizierungen führen, denn obwohl das Peptidgemisch vor der Massenanalyse durch eine hochauflösende Flüssigkeitschromatographie getrennt wird, werden dennoch viele Peptide coeluiert (Duncan *et al.*, 2010, Liu *et al.*, 2004). Dem Massenspektrometer ist es anschließend nicht möglich, MS/MS-Spektren von allen coeluierten Peptiden über die datenabhängige Erfassung (*data dependent acquisition*) aufzunehmen. Zudem war die Zahl der Peptidvarianten in der Studie zur lithoautotrophen Lebensweise durch den Mix von ¹⁵N- und ¹⁴N-markierter Proteine erhöht. Um die Zahl der Peptide in den Proben zu verringern, ist eine umfassendere Gestaltung der Vorfraktionierung via 1D-Gel zu empfehlen. Um den manuellen und zeitlichen Aufwand dabei möglichst gering zu halten, bietet sich an, die Prozedur der Probenvorbereitung (Entfärbung, Reduktion, Alkylierung, Waschen) vor dem Schneiden des Gels durchzuführen (Piersma *et al.*, 2013).

In Abbildung 33 sind alle identifizierten Proteine gemäß ihrem *pI* und ihrer molekularen Masse in einem virtuellen 2D-Gel aufgetrennt dargestellt. Die identifizierten Proteine überdecken einen weiten *pI*- und Massenbereich des theoretischen Proteoms. Das *pI*-Spektrum der identifizierten Proteine reicht von 4,1 bis 12,1 und deckt 90 % des theoretischen *pI*-Bereichs ab. Der *pI* ist demnach keine einschränkende Größe für eine Proteinidentifizierung. Im Falle des Massenbereichs hingegen ist festzustellen, dass für ein Protein unter 10 kDa die Wahrscheinlichkeit detektiert zu werden um mehr als die Hälfte kleiner ist als die für ein Protein mit einer Masse zwischen 10 und 20 kDa. Weniger als 6 % der theoretischen Proteine mit einer

molekularen Masse unter 10 kDa wurden identifiziert, wohingegen 15,8 % aller Proteine mit einer molekularen Masse zwischen 10 und 20 kDa detektiert werden konnten. Beim Vergleich des *pI*- und des Massenbereiches, der sich durch alle identifizierten Proteine ergibt, mit dem eines typischen 2D-Gels (*pI* 4 bis 9 und MW 15 bis 150 kDa) (Schwartz *et al.*, 2009; Kolkman *et al.*, 2006), lässt sich feststellen, dass letzteres theoretisch 73 % der identifizierten Proteine auftrennen kann.

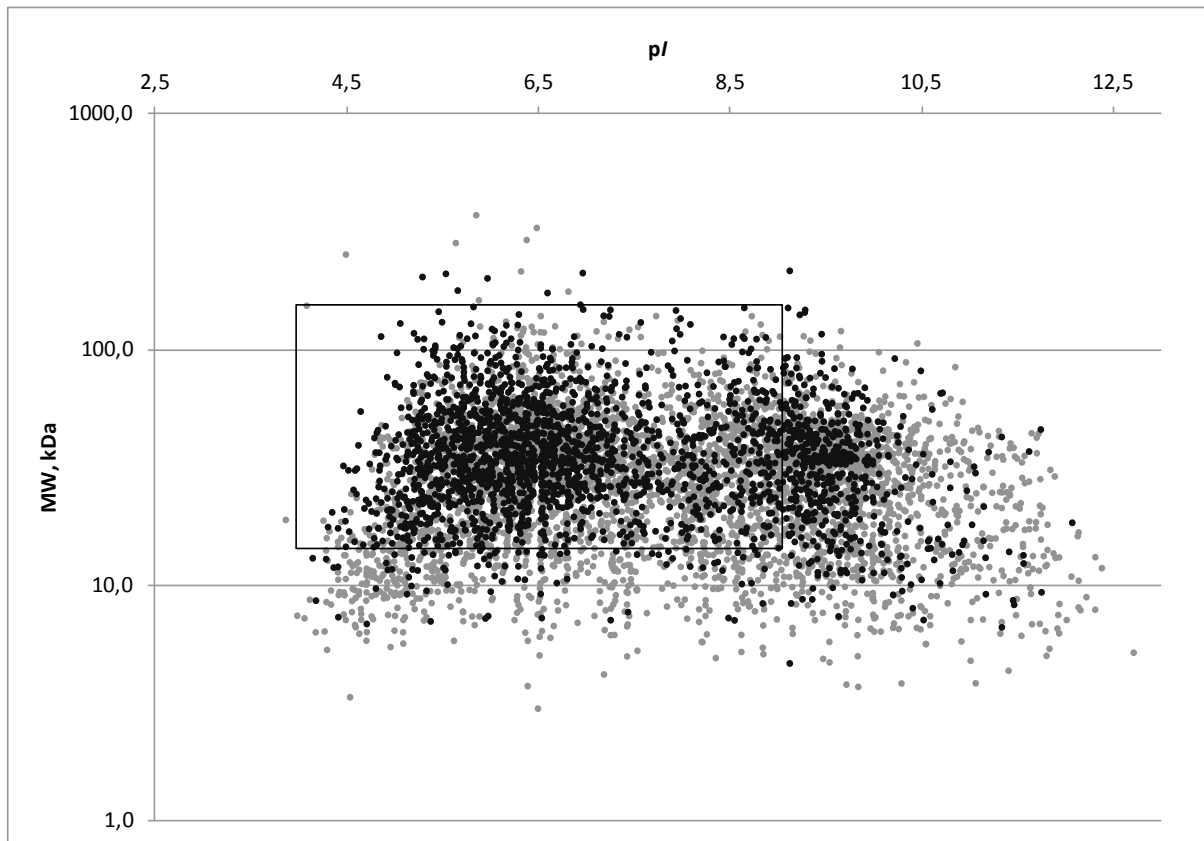


Abbildung 33 Virtuelles 2D-Gel von allen in dieser Arbeit identifizierten Proteinen (schwarz) und den potentiell im Genom von *R. eutropha* H16 codierten Proteinen (grau, im Hintergrund). Das Rechteck markiert den Bereich, der durch ein 2D-Gel (*pI* 4 bis 9 und MW 15 bis 150 kDa) abgedeckt wird.

Dem Nachteil der fehlenden Visualisierung von Proteinvariationen durch die 2D-Geltechnik steht bei Anwendung der GeLCMS damit eine bedeutend größere Zahl analytisch zugänglicher Proteine gegenüber. Im Gegensatz zur vorangegangenen 2D-Gel-basierten Arbeit von Schwartz *et al.* (2009) konnten beispielsweise in Übereinstimmung mit Messungen von Promotoraktivitäten (Schwartz *et al.*, 1998) fast alle Maturationsproteine der Hydrogenasen identifiziert werden. Die meisten der nicht identifizierten Maturationsproteine wiesen eine molekulare Masse unter 20 kDa auf.

Die vorliegenden Daten bieten damit eine gute Grundlage für das Verständnis der untersuchten Lebensweisen. Mit Fokus auf die Detektierbarkeit kleiner (<20 kDa) oder

membranständiger Proteine aber auch vieler Regulatoren, steht die angewandte Methode mit dem Ziel, ein möglichst vollständiges Bild vom Proteinbestand zu liefern, aus heutiger Sicht jedoch noch vor technischen Hürden. Eine erweiterte Erfassung membranintegraler Proteine könnte durch die zusätzliche Anwendung der *Shaving*-Methode erreicht werden. Das Prinzip beruht auf der Reduzierung der Proteinmenge in der Membranfraktion auf jene Proteine, die in der Membran integriert vorliegen. Dazu werden die Membranfragmente vor der Solubilisierung einem Verdau unterzogen, bei dem alle Proteinbestandteile, die nicht in der Membran integriert sind, abgebaut werden. Durch die anschließende Solubilisierung lassen sich theoretisch ausschließlich integrale Membranproteine bzw. Teile von Membranproteinen gewinnen. Die Anwendung der *Shaving*-Methode ermöglichte beispielsweise in *S. aureus* die Identifizierung von 56 % aller vorhergesagten Membranproteine einschließlich stark hydrophober Proteine (Becher *et al.*, 2009).

Eine weitere Herausforderung der MS-basierten Proteomik ist die Protein-Inferenz, das heißt die eindeutige Identifizierung und Unterscheidung von Proteinen mit hoher Sequenzähnlichkeit zueinander (Duncan *et al.*, 2010; Nesvizhskii & Aebersold, 2005). Charakteristisch für das Genom von *R. eutropha* ist das Vorkommen von zahlreichen Genduplikaten auch über die Replikongrenzen hinweg. Die Thematik der Protein-Inferenz war daher auch in dieser Arbeit von besonderer Bedeutung. Ein Beispiel sind die Gene für die NO₃⁻-Reduktase NAR. Auf pHG1 liegt das Cluster *narK1K2G1H1J1I1*. Die Gene *narK3*, *narK4*, *narG2*, *narH2*, *narJ2* und *narI2* sind auf Chromosom 2 lokalisiert. Strukturproteine beider NAR-Kopien konnten eindeutig identifiziert werden. Für NarI1 wurden insgesamt zwei Peptide detektiert. Da diese auch NarI2 zuzuordnen waren, konnte keine zweifelsfreie NarI1-Identifizierung vorgenommen werden. Die NarI2-Identifizierung selbst war durch ein drittes, eindeutiges Peptid abgedeckt. Eine entsprechende Problematik bestand auch bei NarK3 und NarK1. NarK3 und NarI1 gelten daher als nicht identifiziert. Eine Präsenz der Proteine in den untersuchten Proben ist trotzdem nicht auszuschließen. Die beiden *nar*-Cluster stellten hierbei keinen Einzelfall dar. Ähnliches wurde für die beiden *cbb*-Cluster beobachtet. Sequenzidentitäten innerhalb des Genoms spielen daher in der Proteinidentifizierung eine bedeutende Rolle. Speziell für sequenzähnliche Proteine lässt sich daher festhalten, dass die Ergebnisse im Einzelfall geprüft werden müssen und „keine Protein-Identifizierung“ nicht generell als „kein Protein vorhanden“ zu werten ist.

Die Kombination mehrerer Techniken zur Verifizierung biologischer Aussagen ist dabei ein vielversprechender Ansatz (Trauchessecc *et al.*, 2014). Die Proteinbiosynthese

zusätzlich auf der Ebene der mRNA zu untersuchen, könnte eine Strategie sein, die sich unter Anwendung von DNA-Microarrays auch mit dem Gedanken der Hochdurchsatz-Analyse vereinbaren lässt. Im Zuge der sich rasant weiterentwickelnden Techniken werden die Hochdurchsatz-Verfahren zunehmend zu Routinemethoden. Insofern stützt sich auch eine steigende Zahl an Vorhaben zur Charakterisierung von Mikroorganismen auf die kombinierte Analyse des Transkriptoms, Proteoms und Metaboloms und schöpft damit weite Teile des methodischen Potentials der Funktionellen Genomik aus (Baldrian & López-Mondéjar, 2014; Kohlmann *et al.*, 2014; Kuo *et al.*, 2013; Qiao *et al.*, 2013; Wilmes *et al.*, 2013; Zhang *et al.*, 2013; Wan *et al.*, 2004). Hierbei gewinnen absolute Quantifizierungstechniken speziell bei der Hochdurchsatz-Proteomik zunehmend an Bedeutung (Muntel *et al.*, 2014; Otto *et al.*, 2012; Maass *et al.*, 2011).

4.2 Das Proteom H₂-oxidierender Bakterien

R. eutropha H16 gilt als Modellorganismus der aeroben H₂-Oxidation. In diesem Zusammenhang wurden bisher die Aktivität, Funktion und Regulation der H₂-oxidierenden und CO₂-fixierenden Enzyme eingehend untersucht (Frielingsdorf *et al.*, 2014; Cramm, 2009; Bowien & Kusian, 2002; Lenz *et al.*, 2002). Es ist jedoch bislang wenig über den globalen Proteinbestand lithoautotroph wachsender Zellen und dessen Bedeutung für die Adaptation an die H₂/CO₂-basierte Lebensweise bekannt. In dieser Arbeit wurde das Proteom beim lithoautotrophen Wachstum mit H₂/CO₂ verglichen zum heterotrophen Wachstum auf Succinat untersucht.

4.2.1 H₂ als Energiequelle für das autotrophe Wachstum

Beim Leben mit H₂ als Energiequelle fungieren die SH und MBH als energiekonservierende Systeme. Die SH koppelt die Oxidation von H₂ mit der Reduktion von NAD⁺ zu NADH, welches (I) im Zuge einer autotrophen Lebensweise für die CO₂-Fixierung genutzt werden kann und (II) der Reduktion der Atmungskette und damit dem Aufbau eines Protonengradienten an der Membran dient (Bowien & Schlegel, 1981). Die MBH als membranverankerte Hydrogenase HoxKG reduziert über ihre Cytochrom-*b*-Untereinheit HoxZ den Chinonpool und ist damit direkt mit der Atmungskette verbunden (Bernhard *et al.*, 1997). Die in Form von einem Protonengradienten an der Membran konservierte Energie wird zu ATP-Synthese verwendet oder durch NAD(P)⁺-Transhydrogenasen genutzt, um NADPH zu generieren, was als Reduktionsmittel für anabolische Prozesse dient (Cramm, 2009).

Unter lithoautotrophen Bedingungen wurden in dieser Arbeit weitere energiekonservierende Systeme bzw. Teile davon detektiert, die mit einer autotrophen Lebensweise vereinbar sind. Zum einen wurden Komponenten der Schwefeloxidation identifiziert. Versuche, *R. eutropha* auf Schwefel als einzige Energiequelle wachsen zu lassen, führten jedoch bislang nicht zum Erfolg (Fricke, 2005; Friedrich & Mitrenga, 1981). Zum anderen waren die membrangebundenen Formiat-Dehydrogenasen (M-FDH) Fdh und Fdo nachweislich präsent und zeigten unter H₂/CO₂-Bedingungen eine Hochregulation. Die Detektion steht im Einklang mit den Ergebnissen von Burgdorf *et al.* (2001), wonach M-FDH-Aktivitäten unter lithoautotrophen wie auch heterotrophen Bedingungen gemessen wurden. Die Detektion der löslichen Formiat-Dehydrogenase S-FDH war nicht zu erwarten, da ihre Biosynthese als streng Formiat-abhängig gilt (Oh & Bowien, 1999; Friedebold & Bowien, 1993). Trotz umfangreicher Aktivitätsstudien sowie *In-silico*-Analysen zu den FDH-codierenden Clustern bleibt die Rolle der Formiat-

Dehydrogenase im H_2/CO_2 -basierten Stoffwechsel ungeklärt (Cramm, 2009; Burgdorf *et al.*, 2001; Friedrich *et al.*, 1979). Von einer energiekonservierenden Funktion kann unter den untersuchten Bedingungen nicht ausgegangen werden.

4.2.2 Während der H_2 -Oxidation werden Cytochrom-Oxidasen als terminale Oxidasen präferiert

In Studien zum Elektronentransportsystem von *R. eutropha* konnten in Membranextrakten lithoautotroph angezogener Zellen Aktivitäten von mindestens drei unterschiedlichen Oxidasen nachgewiesen werden (Kömen *et al.*, 1991a; Kömen *et al.*, 1991b). Zwei Aktivitäten wurden distinkten Cytochrom-*c*-Oxidasen zugeordnet, der dritten Aktivität eine oder mehrere Chinol-Oxidasen. Mit diesen Beobachtungen in Übereinstimmung wurden in dieser Arbeit die zwei Cytochrom-Oxidasen Cta und Cco sowie die Chinol-Oxidase Cyo1 identifiziert. Hinweise auf eine vierte Oxidase-Aktivität in lithoautotrophen Zellen, die sich wie durch Kömen *et al.* (1991b) beschrieben durch Cyanid nicht inhibieren lässt und damit vermutlich einer Chinol-Oxidase vom *bd*-Typ zugrunde liegt, konnten hingegen nicht gefunden werden.

Unter H_2/CO_2 -Bedingungen waren eine verstärkte Bildung der beiden Cytochrom-Oxidasen sowie die Runterregulation der Chinol-Oxidase zu verzeichnen, was darauf hinweist, dass Cytochrom-Oxidasen beim Leben mit H_2 als terminale Oxidasen präferiert genutzt werden. Die bevorzugte Nutzung von Cytochrom-Oxidasen gegenüber Chinol-Oxidasen bietet die Möglichkeit, durch einen Elektronenfluß über den *bc*₁-Komplex zusätzliche Protonen zu pumpen und damit verstärkt zur Energetisierung der Membran beizutragen (Trumpower & Gennis, 1994).

Bereits Kömen *et al.* (1992) vermuteten einen bevorzugten Elektronenfluß in Richtung einer *aa*₃-Typ-Cytochrom-Oxidase unter lithoautotrophen Bedingungen. Die *aa*₃-Typ-Oxidase ist strukturell und funktionell homolog zu Enzymen der mitochondrialen Atmungskette. Die *cbb*₃-Typ-Oxidase Cco wird nur in Bakterien gefunden und zeigt eine etwa achtfach höhere Affinität zu O_2 verglichen mit der *aa*₃-Typ-Oxidase (Preisig *et al.*, 1996). Eine verstärkte Bildung der *cbb*₃-Typ-Oxidase wurde mit einer abnehmenden Konzentration an O_2 beobachtet (Preisig *et al.*, 1993; Bosma *et al.*, 1987). In *Ralstonia solanacearum* zeigten *cco*-Mutanten Wachstumsdefekte unter mikroaeroben Bedingungen (Colburn-Clifford & Allen, 2010). In den Succinat- und H_2/CO_2 -Anzuchten, die der vorliegenden Proteomstudie zu Grunde liegen, wurden zum Zeitpunkt der Zellernte etwa gleiche O_2 -Konzentrationen gemessen. Die Hochregulation der Cco sollte daher nicht als Ausdruck eines O_2 -Mangels, sondern eher als Folge eines gesteigerten

O₂-Bedarfs der lithoautotroph wachsenden Zellen angesehen werden. Dieser könnte eine Folge der hohen und nicht physiologischen H₂-Konzentration von 80 % während der Fermenteranzucht sein. Unter natürlichen Begebenheiten ist die begehrte Energiequelle nur temporär anwesend (Schwartz *et al.*, 2013). Eine effektive H₂-Oxidation, die eine hohe respiratorische Rate mit einschließt, ist daher von Vorteil.

4.2.3 Die Aktivität der Hydrogenasen hat signifikanten Einfluss auf das Proteinprofil lithoautotroph wachsender Zellen

Ein erhöhter O₂-Bedarf in lithoautotroph wachsenden Zellen lässt einen im Zuge der SH-Aktivität erhöhten NADH/NAD⁺-Spiegel und damit das Vorhandensein von Systemen, die regulierend auf den Redoxstatus der Zelle wirken, vermuten. Anzeichen für einen energetisch unausgewogenen Metabolismus ist die Bildung von PHB (Tavares *et al.*, 2004; Steinbüchel & Schlegel, 1989; Schlegel *et al.*, 1961a).

Die Proteomdaten weisen darauf hin, dass die Enzyme der PHB-Biosynthese unter lithoautotrophen Bedingungen in deutlich höheren Konzentrationen vorliegen. Hinsichtlich der natürlichen Begebenheiten, in denen H₂ meist nur in niedrigen und fluktuierenden Konzentrationen vorkommt, erscheint es sinnvoll, dank eines konstitutiv exprimierten PHB-Biosynthese-Systems, in der Zeit der H₂-Verfügbarkeit einen Energie- und Kohlenstoffspeicher anzulegen (Brigham *et al.*, 2010; Gerngross *et al.*, 1994; Haywood *et al.*, 1989).

Die Regulation erfolgt dabei auf der Ebene der Enzymaktivitäten (Senior & Dawes, 1971). Hierbei spielt die intrazelluläre Konzentration an Acetyl-CoA und freiem Coenzym A eine Rolle (Haywood *et al.*, 1989). Zudem wurde gezeigt, dass hohe Konzentrationen an NAD(P)H innerhalb der Zellen die PHB-Biosynthese stimulieren (Lee *et al.*, 1995). Gleichzeitig wird die Citrat-Synthase-Aktivität durch NAD(P)H inhibiert, was erhöhte Konzentrationen an Acetyl-CoA für den ersten Schritt der PHB-Biosynthese bereitstellt (Henderson & Jones, 1997).

Bei den Enzymen der PHB-Biosynthese handelt es sich generell um lösliche Proteine. Sobald genügend Substrat vorhanden ist, startet die PHB-Biosynthese, wobei die PHA-Synthase PhaC durch eine kovalente Bindung an die wachsende Polyesterkette Granula-assoziiert vorliegt (Pfeiffer & Jendrossek, 2014; Gerngross *et al.*, 1993; Haywood *et al.*, 1989).

Im Fall, dass PHB in den untersuchten Zellen produziert worden ist, wäre eine Anreicherung von PhaC in der Membranfraktion zu erwarten. Als ein Hinweis für die PhaC-Lokalisation in den untersuchten Zellen kann die Anzahl der detektierten PhaC-

Peptide herangezogen werden. In der löslichen Fraktion wurden durchschnittlich vier und in der Membranfraktion fünf Peptide detektiert. Hieraus kann nicht auf eine PhaC-Anreicherung in der Membran geschlossen werden, was gegen eine verstärkte PHB-Biosynthese spricht.

Zudem zeigten die Zellen bei der Ernte nicht die typische Weißfärbung (Schlegel *et al.*, 1961a), die sich aus der PHB-Einlagerung ergibt. Weiterhin führten Versuche, PHB aus exponentiell lithoautotroph wachsenden Zellen zu extrahieren, nicht zum Erfolg (Steffen Lütte, persönliche Mitteilung). Auch die Runterregulation der Komponenten des Pyruvat-Dehydrogenase-Komplexes, der die oxidative Decarboxylierung von Pyruvat zu Acetyl-CoA als Ausgangsstoff der PHB-Biosynthese katalysiert (Gottschalk, 1964), spricht dagegen, dass der Organismus in den untersuchten Bedingungen überschüssige Reduktionsäquivalente durch PHB-Bildung konserviert.

Weitere Enzyme, die im Fall eines NADH-Überschusses zur NAD⁺-Regeneration beitragen können, sind NADH-abhängige Fermentationsenzyme wie die Alkohol-Dehydrogenase Adh oder die Lactat-Dehydrogenase Ldh (Jendrossek *et al.*, 1993; Jendrossek *et al.*, 1990; Steinbüchel *et al.*, 1983). Sie werden unter O₂-Mangelbedingungen gebildet und konnten in keiner der beiden untersuchten Bedingungen (H₂/CO₂ und Succinat) nachgewiesen werden.

Indes wurden andere Proteine detektiert, die an einer Redoxbalance beteiligt sein könnten. Hierzu zählen die putativen Alkohol-Dehydrogenasen AdhC und H16_A3330. Weitere potentielle NAD(P)H-abhängige Oxidoreduktasen sind die Flavin-Oxidoreduktase H16_B1142, die FMN-Reduktase H16_A1676, die Oxidoreduktase H16_A1533 und die Chinol-Oxidoreduktase H16_A2377 (Cramm, 2009). Bis auf AdhC waren alle Proteine unter Knallgas-Bedingungen stark hochreguliert. Ihre Relevanz für den H₂/CO₂-basierten Energiemetabolismus bleibt vorerst spekulativ.

In diesem Zusammenhang soll das Flavohämoprotein Fhp als ein weiteres NADH-abhängiges Protein, das unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliert war, Erwähnung finden. Bereits durch Friedrich *et al.* (1981) wurden in autotroph wachsenden Zellen höhere Konzentrationen an Flavohämoprotein als in heterotroph wachsenden Zellen ermittelt. Neben einer Reduktaseuntereinheit mit Bindestellen für FAD und NAD(P)H besitzt Fhp zwei Globin-Domänen, die eine Hämgruppe tragen (Ermler *et al.*, 1995). Die Hämoglobin-Domäne bindet reversibel O₂. Es wurde vermutet, dass das Flavohämoprotein in *R. eutropha* aufgrund seiner hohen O₂-Affinität als O₂-Speicher fungiert und dazu beiträgt, den intrazellulären O₂-Gehalt auszubalancieren (Probst *et al.*, 1979). Für das Flavohämoglobin Hmp aus *E. coli* wurde eine NADH-

Oxidase-Aktivität, bei der Superoxidanionen entstehen, nachgewiesen (Membrillo-Hernández *et al.*, 1996; Poole *et al.*, 1996). Weiterhin reduziert Hmp Cytochrom *c* und Fe(III)-Ionen (Wu *et al.*, 2004; Poole *et al.*, 1997). Diese Aktivität ist bei O₂-Anwesenheit gehemmt, was eine Funktion der Flavohämoglobine als O₂-Sensoren der Zelle vermuten ließ (Poole *et al.*, 1997). Studien mit Fhp-freien Mutanten zeigten beim heterotrophen sowie autotrophen Wachstum mit H₂ als Energiequelle gegenüber dem *R.-eutropha*-Wildtyp keine Wachstumsunterschiede (Cramm *et al.*, 1994). Inwieweit FHP daher eine Rolle bei der Regulierung des Redoxstatus der Zelle besitzt, bleibt unklar.

Ein gut untersuchter Sensor für Veränderungen des Redoxpotentials ist Aer. Hierbei handelt es sich um einen Chemotaxisrezeptor, der über einen FAD-Cofaktor in der membranständigen PAS-Domäne Redoxveränderungen innerhalb der Elektronentransportkette sensiert (Bibikov *et al.*, 1997; Rebbapragada *et al.*, 1997) und durch Interaktion mit dem Chemotaxis-Signaltransduktionssystem CheAW-CheBY einen Wechsel der Flagellenrotation induziert (Parkinson, 1993; Liu & Parkinson, 1991). Aer wie auch weitere Chemotaxisrezeptoren, Komponenten der Chemotaxisregulation und des Flagellenapparates an sich sowie der transkriptionale Regulator der Flagellen-Biosynthese FliA waren beim Leben mit H₂/CO₂ hochreguliert. Dasselbe Regulationsprofil zeigten Proteine der Zellfortbewegung auf Oberflächen. Im Gegensatz dazu fanden sich Proteine, die in Zusammenhang mit Adhäsionsprozessen stehen, runterreguliert. Ähnliche Beobachtungen wurden auch in einer Transkriptom-Studie zur chemolithotrophen Lebensweise von *B. japonicum* beschrieben (Franck *et al.*, 2008). Dieses Proteinprofil könnte zusätzlich zu der zuvor beschriebenen Hochregulation der hoch O₂-affinen Cytochrom-Oxidase Cco Ausdruck eines erhöhten O₂-Bedarfs sein.

Andererseits ging der Wechsel von einer heterotrophen zu einer lithoautotrophen Lebensweise auch mit einer Hochregulation von Komponenten diverser Transportsysteme einher. Hierbei war speziell die verstärkte Bildung von Aminosäuretransportern unerwartet, da *R. eutropha* alle für das Wachstum benötigten Aminosäuren *de novo* synthetisieren kann und dem Medium keine Aminosäuren zugegeben wurden. Angesichts der energieaufwändigen und seitens der Oxygenasefunktion der RuBisCO ineffizienten Arbeitsweise des CBB-Zyklus bei der CO₂-Fixierung (Spreitzer & Salvucci, 2002) erscheint die Aufnahme von bereits reduziert vorliegenden Kohlenstoffquellen physiologisch sinnvoll.

In der Tat konnte für *R. eutropha* ein mixotrophes Wachstum mit erhöhten Wachstumsraten verglichen zum autotrophen Wachstum belegt werden (Rittenberg & Goodman, 1969; DeCicco & Stukus, 1968). Als weiterer Grund für die verstärkte Bildung

von Proteinen der Zellbewegung könnte daher die Suche nach zusätzlichen Substraten postuliert werden. In diesem Sinne wäre die Bildung der Bewegungs- und Transportsysteme als Investition der durch die H_2 -Oxidation verfügbaren Energie in eine mixotrophe Lebensweise zu verstehen.

4.2.4 Der TCA-Zyklus besitzt anabolische Funktion

Unter chemolithotrophen Bedingungen erhalten Wasserstoffbakterien ihre Reduktionsäquivalente aus der durch die Hydrogenasen katalysierten Oxidation von H_2 . Die Funktion des TCA-Zyklus liegt lediglich in der Bereitstellung von Metaboliten für biosynthetische Prozesse. Fakultativ chemolithoautotrophe Bakterien besitzen beim Leben mit energiereichen anorganischen Verbindungen und CO_2 als Kohlenstoffquelle keinen vollständigen TCA-Zyklus (Smith *et al.*, 1967). *R. eutropha* stellt in dieser Hinsicht eine Ausnahme dar (Schobert & Bowien, 1984). Sowohl unter heterotrophen als auch unter lithoautotrophen Bedingungen liegt ein vollständiger TCA-Zyklus vor (Glaeser & Schlegel, 1972; Trüper, 1965). In der vorliegenden Proteomarbeit wurden dementsprechend alle Enzyme des TCA-Zyklus identifiziert.

Mit Ausnahme der Aconitase zeigten dabei alle Enzyme ein gleichbleibendes Regulationsmuster. Die Aconitase katalysiert die Umwandlung von Citrat zu Isocitrat über das Zwischenprodukt Aconitat. *R. eutropha* besitzt mindestens zwei genetisch distinkte Aconitase-Enzyme: Eine Klasse I Aconitase AcnA – sie wurde vierfach hochreguliert – und eine Klasse II Aconitase AcnB mit \log_2 -Werten, die auf eine dreifache Runterregulation beim Leben mit H_2/CO_2 hinweisen. Neben der metabolischen Aufgabe im TCA-Zyklus erfüllen die beiden FeS-Proteine zudem eine sensorische Funktion in Antwort auf Stress durch reaktive O_2 - und Stickstoffspezies (Banerjee *et al.*, 2007; Gardner *et al.*, 1998b; Gardner, 1997). In *B. subtilis* wird den Enzymen dabei auch eine regulatorische Wirkung auf die Zellmotilität zugeschrieben (Tang *et al.*, 2004), was angesichts der zuvor diskutierten Hochregulation des Flagellenapparates auch für eine zusätzliche Bedeutung der Isoenzyme in *R. eutropha* sprechen könnte.

Studien von Trüper (1965) zeigen, dass die Enzyme des TCA-Zyklus autotroph gewachsener Zellen eines *R. eutropha*-Stammes weniger Aktivität aufwiesen als jene von organotroph gewachsenen Zellen. Erklären lässt sich dies durch einen hohen NADH/NAD⁺-Spiegel, der hemmend auf die Enzyme des TCA-Zyklus wirkt (Henderson & Jones, 1997). Auch für die Pyruvat-Dehydrogenase als Brücke zwischen dem Entner-Doudoroff-Weg und dem TCA-Zyklus ist die inhibierende Wirkung eines hohen NADH/NAD⁺-Spiegels bekannt (Dietrich & Henning, 1970; Hansen & Henning, 1966). So

führte in Untersuchungen von Snoep *et al.* (1993) ein NADH/NAD⁺-Verhältnis ab 0,24 zur vollständigen Inhibierung der Pyruvat-Dehydrogenase aus *E. coli* und *Lactococcus lactis*; für das Enzym aus *Enterococcus faecalis* und *Azotobacter vinelandii* war die Aktivität auf 35 % bzw. 70 % reduziert. Poolgrößenmessungen mit lithoautotroph wachsenden *R. eutropha*-H16-Zellen der exponentiellen Phase ergaben ein NADH/NAD⁺-Verhältnis von 0,3 (Cook & Schlegel, 1978). Mit diesem Wert ist auch in den hier untersuchten Zellen eine stark reduzierte Pyruvat-Dehydrogenase-Aktivität anzunehmen, was eine reduzierte Bildung von Acetyl-CoA beim lithoautotrophen Wachstum vermuten lässt. Zudem wurde für die Pyruvat-Dehydrogenase in dieser Arbeit ein Log₂R-Wert kleiner -1 ermittelt. Die NADH-abhängige Inhibierung der TCA-Enzyme sowie eine verringerte Konzentration als auch Aktivität der Pyruvat-Dehydrogenase führen verglichen zum Leben mit Succinat vermutlich zu einer Drosselung des TCA-Zyklus und befinden sich damit in Übereinstimmung mit dessen lediglich anabolischen Funktion beim H₂/CO₂-basierten Wachstum.

Erhöhte Mengen an Pyruvat-Dehydrogenase sind hingegen für das Leben mit Succinat als gluconeogenetisches Substrat nötig, da der TCA-Zyklus hierbei sowohl für den Anabolismus als auch für die Energiebereitstellung von Bedeutung ist. Neben Acetyl-CoA muss daher auch genügend Pyruvat bereitgestellt werden. Die Bildung von Pyruvat, ausgehend von Succinat bzw. den daraus entstehenden Metaboliten Malat und Oxalacetat, kann (I) durch das Malat-Enzym und (II) durch die Kombination aus der Aktivität der PEP-Carboxykinase und Pyruvat-Kinase realisiert werden. Für das Malat-Enzym liegen in *R. eutropha* die zwei Paraloge MaeA und MaeB vor, wobei MaeB NADP⁺-abhängig ist und MaeA vermutlich NAD⁺ als Cofaktor nutzt (Bruland *et al.*, 2010). Die Anwesenheit von beiden Typen in einem Organismus ist nicht ungewöhnlich. Eingehend untersucht sind die zwei Paraloge bereits in *E. coli* (Bologna *et al.*, 2007) und *Sinorhizobium meliloti* (Mitsch *et al.*, 1998). In *R. eutropha* sind *maeA*-Transkripte unter einer Vielzahl von Wachstumsbedingungen nachweisbar (Bruland *et al.*, 2010). MaeA wird eine katabolische Rolle zugesprochen, wohingegen für das NADP⁺-abhängige Enzym MaeB, dessen Gen als konstitutiv exprimiert gilt, eine gluconeogenetische Funktion angenommen wird (Bruland *et al.*, 2010; Sauer & Eikmanns, 2005). Beide Enzyme lagen in dieser Proteomstudie in gleichen Mengen unter den untersuchten Bedingungen vor. Da die PEP-Carboxykinase als ebenfalls C4-decarboxylierendes Enzym unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliert war, ist anzunehmen, dass vorwiegend das Malat-Enzym für die Bereitstellung von Pyruvat in auf Succinat wachsenden Zellen verantwortlich ist.

Hieraus ergibt sich jedoch eine neue Fragestellung: Welche Bedeutung kommt der PEP-Carboxykinase unter lithoautotrophen Bedingungen zu? Die PEP-Carboxykinase gehört neben der PEP-Carboxylase, die in gleichen Mengen vorlag, und der Pyruvat-Carboxylase, die nicht detektiert wurde, zu den Enzymen des PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knotens. In einer Studie von Schobert & Bowien (1984) wurden die Aktivitäten der Enzyme des PEP-Pyruvat-Oxalacetat-Knotens in *R. eutropha* unter einer Vielzahl von Wachstumsbedingungen bestimmt. Dabei wurde unter keiner Bedingung eine PEP- oder Pyruvat-Carboxylase-Aktivität gemessen. Für die PEP-Carboxykinase wurde aus dieser und weiteren Studien eine duale Funktion als (I) gluconeogenetisches und (II) anaplerotisches Enzym geschlussfolgert (Bruland *et al.*, 2010; Schobert & Bowien, 1984). Des Weiteren erfüllt in *R. eutropha* der Glyoxylat-Weg mit den spezifischen Enzymen Isocitrat-Lyase und Malat-Synthase eine anaplerotische Funktion. Bedeutung wird ihm beim Wachstum auf Propionat über den 2-Methylcitrat-Zyklus beigemessen (Wang *et al.*, 2003). In *R. eutropha* liegt die Isocitrat-Lyase mit den zwei Isoenzymen IclA (H16_A2211) und IclB (H16_A2227) vor (Wang *et al.*, 2003). Beide Enzyme konnten in der hier vorliegenden Arbeit unter lithoautotrophen Bedingungen detektiert werden (Übersicht siehe Abbildung 37). Quantitative Daten wurden hingegen nur für die Malat-Synthase (AceB, H16_A2217) generiert. Diese war unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliert. Für den chemolithoautotrophen Stoffwechsel von *B. japonicum* wurden der Glyoxylat-Weg und die PEP-Carboxylase als die wesentlichen anaplerotischen Funktionen identifiziert (Franck *et al.*, 2008).

Gegen eine anaplerotische Rolle des Glyoxylat-Zyklus in *R. eutropha* beim H₂-basierten Wachstum sprechen jedoch, dass (I) die Isocitrat-Lyase nur in marginalen Mengen vorliegt (lediglich zwei Peptide des 58 kDa großen Enzyms wurden detektiert) und (II) die Synthese von Acetyl-CoA durch die Runterregulation der Pyruvat-Dehydrogenase reduziert ist. Aus diesen Überlegungen ist anzunehmen, dass die PEP-Carboxykinase das Hauptenzym für die Auffüllreaktionen von C₄- aus C₃-Körpern ist und damit eine wichtige Funktion im lithoautotrophen Anabolismus einnimmt.

4.2.5 Abschließende Betrachtung zum H₂/CO₂-basierten Proteom

Die vorliegende Proteomstudie gibt einen detaillierten Einblick in die lithoautotrophe Lebensweise (grafische Zusammenfassung der Ergebnisse und ihrer physiologischen Bedeutung in Abbildung 34). Während die Verwertung von Succinat, abgesehen von einem Transporter zur Succinataufnahme, mit den metabolischen Haushaltsfunktionen realisiert werden kann, wird beim Leben mit H₂/CO₂ ein komplexes Enzymrepertoire

der H_2 -Oxidation sowie CO_2 -Fixierung induziert (Bowien & Kusian, 2002; Schwartz *et al.*, 1998), wobei den $NAD(P)^+$ -Transhydrogenasen eine wichtige Funktion in der Energiebereitstellung für den Metabolismus zukommt. Für den zentralen Kohlenstoffwechsel ergibt sich lediglich eine anabole Funktion, bei der anaplerotische Reaktionen durch die PEP-Carboxykinase realisiert werden. Die H_2 -Oxidation geht mit einer bevorzugten Nutzung von Cytochrom-Oxidasen einher. Die Bildung der hoch O_2 -affinen Oxidase Cco könnte dabei Ausdruck eines erhöhten O_2 -Bedarfs sein, auf den die Zelle mit Aerotaxis reagiert. Die Bildung von Transportern für diverse Kohlenstoffverbindungen dient vermutlich der Akquirierung alternativer Kohlenstoffquellen, die im Zuge eines mixotrophen Wachstums verwertet werden könnten.

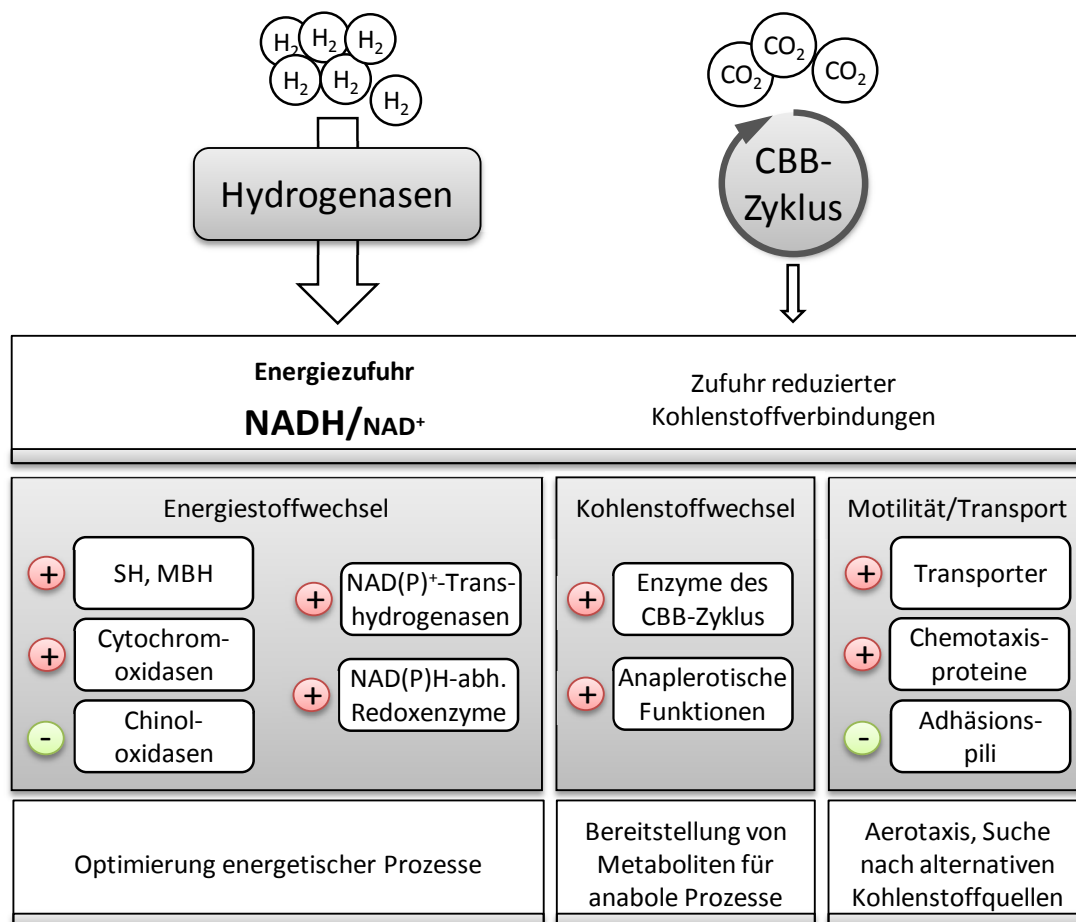


Abbildung 34 Überblick: Ergebnisse der Proteomanalyse lithoautotroph wachsender Zellen im physiologischen Kontext. Beim lithoautotrophen verglichen zum heterotrophen Wachstum auf Succinat hochregulierte Funktionen sind mit einem Plus (+) versehen. Eine Runterregulation ist durch ein Minus (-) gekennzeichnet. Ein Übergang zwischen den beiden Lebensweisen geht u. a. angesichts der divergent regulierten terminalen Oxidasen mit einer Umstrukturierung der Atmungskette einher. Änderungen betreffen zudem Chemotaxis- und Transportprozesse sowie den zentralen Kohlenstoffmetabolismus, dessen Funktion beim H_2/CO_2 -basierten Wachstum in der Bereitstellung von Metaboliten für den Anabolismus besteht. Abkürzung: abh., abhängig.

4.3 Das Proteom denitrifizierender Bakterien

Bakterielles Wachstum in natürlichen Habitaten wie auch in industriellen Fermentationen ist oft begleitet von Nährstofflimitation. O_2 als bevorzugter terminaler Elektronenakzeptor spielt dabei eine zentrale Rolle.

R. eutropha weist eine Vielzahl an biotechnologischen Anwendungspotentialen auf. Seit der erstmaligen Beschreibung des Organismus (Wilde, 1962) wurden zahlreiche genetische und biochemische Untersuchungen durchgeführt. Genomweite Untersuchungen beschränkten sich jedoch bisher auf Fragestellungen zur Lithoautotrophie und des Speicherstoff-Metabolismus (Brandt *et al.*, 2012; Brigham *et al.*, 2012; Kohlmann *et al.*, 2011; Peplinski *et al.*, 2010; Schwartz *et al.*, 2009; Raberg *et al.*, 2008). In dieser Arbeit wurde erstmals das Proteom in Abhängigkeit von der O_2 -Verfügbarkeit untersucht. Verglichen wurde das aerobe mit dem anaeroben Wachstum in unterschiedlichen Phasen der Denitrifikation (siehe Abbildung 15).

4.3.1 Optimierung des Energiehaushalts durch Anpassung der Atmungskette

Die Denitrifikation ist aufgrund einer deutlich geringeren ATP-Ausbeute verglichen mit der aeroben Atmung ein energetisch ungünstiger Prozess (Thauer *et al.*, 1977). Eine strikte Expressionskontrolle der Gene der Denitrifikationsenzyme in Abhängigkeit von der O_2 -Verfügbarkeit erscheint daher von Vorteil. Um beim Eintritt anaerober Bedingungen den Elektronenfluß innerhalb der Atmungskette jedoch aufrechterhalten zu können, bedarf es der Synthese der Denitrifikationsenzyme bereits vor dem Erreichen des anoxischen Zustands (Bergaust *et al.*, 2011).

Die O_2 -abhängige Expression der Gene der Schlüsselenzyme der Denitrifikation NO_3^- -Reduktase (NAR), NO_2^- -Reduktase (NIR), NO-Reduktase (NOR) und N_2O -Reduktase (NOS) sowie weiterer Proteine des anaeroben Stoffwechsels ist in Laborstämmen wie *Paracoccus denitrificans*, *P. aeruginosa* oder *Agrobacterium tumefaciens* eingehend untersucht (Arai *et al.*, 1995; Carr & Ferguson, 1990; Zumft *et al.*, 1988). Sie unterliegt der globalen Kontrolle durch FNR (*fumarate and nitrate reduction regulator*), einem O_2 -Sensor und Transkriptionsregulator der CRP/FNR-Superfamilie (Rinaldo *et al.*, 2006; Körner *et al.*, 2003; Unden *et al.*, 2002; Zumft, 2002; Philippot *et al.*, 2001; Vollack *et al.*, 1999).

Im Genom von *R. eutropha* codieren 14 Gene für CRP/FNR-Typ-Regulatoren (Pohlmann *et al.*, 2006). In der vorliegenden Arbeit konnte ein FNR-ähnliches (Fnr3, H16_A2312) und ein DNR-ähnliches Protein (DnrD, PHG262) identifiziert werden. Die Gene beider Regulatoren liegen in unmittelbarer Nähe zu Genen des anaeroben

Stoffwechsels (Cramm, 2009; Schwartz *et al.*, 2003). Für Fnr3 und DnrD ist daher eine entscheidende Rolle bei Adaptation des Stoffwechsels in Abhängigkeit von der O₂-Verfügbarkeit anzunehmen. Diese Annahme bekräftigen auch Untersuchungen von Lütte (2008), nach denen eine *fnr3*-negative Mutante unter denitrifizierenden Bedingungen verglichen zum Wildtyp ein vermindertes Wachstum aufwies.

Die Reduktaseenzyme der Denitrifikation zeigten über den gesamten Untersuchungszeitraum eine starke Hochregulation. Eine sequentielle Bildung, wie sie in anderen Denitrifizierern insbesondere für die NOR beobachtet wurde (Bakken *et al.*, 2012; Bergaust *et al.*, 2008), konnte in dieser Arbeit nicht nachgewiesen werden.

In vorangegangenen Untersuchungen ließen sich für *R. eutropha* mindestens zwei distinkte Enzyme mit NAR-Aktivität nachweisen (Cramm, 2009). Diese Beobachtung deckt sich mit der Identifizierung beider im Genom codierten Enzyme Nar1 und Nar2. Sie zeigten ein zueinander sehr ähnliches Regulationsprofil, was vermutlich auf die Kontrolle durch FNR in Abhängigkeit von O₂ sowie auf die gemeinsame Kontrolle durch das auf pHG1 in unmittelbarer Nähe zum *nar1*-Operon codierten Zweikomponentensystem NarX/L in Abhängigkeit von NO₃⁻/NO₂⁻ zurückgeht.

Neben der membrangebundenen NO₃⁻-Reduktase NAR wurde auch das zweite dissimilatorische Enzym, die periplasmatische NO₃⁻-Reduktase NAP, in anaerob wachsenden Zellen identifiziert. Bakteriellen periplasmatischen NO₃⁻-Reduktasen werden diverse physiologische Rollen zugeschrieben (Sparacino-Watkins *et al.*, 2014). Die NAP ist ein Heterodimer bestehend aus der katalytischen Untereinheit NapA und dem Elektronentransportprotein NapB, welches über das integrale Membranprotein NapC mit dem Chinonpool der Atmungskette verbunden ist (Hettmann *et al.*, 2004; Siddiqui *et al.*, 1993). Im Gegensatz zur NAR leistet die NAP jedoch keinen Beitrag zur Protonentranslokation (Potter *et al.*, 2001) und fungiert wahrscheinlich als System zum Abführen überschüssiger Redoxenergie (Filiatrault *et al.*, 2005). In diesem Zusammenhang wurde eine metabolische Rolle der NAP insbesondere während der stationären Phase diskutiert (Hettmann *et al.*, 2004; Hettmann *et al.*, 2003; Siddiqui *et al.*, 1993).

Wie in den meisten α -, β - und γ -Proteobakterien setzt sich das *nap*-Operon aus den fünf Genen *napE*, *-D*, *-A*, *-B* und *-C* zusammen, wobei NapE und NapD an der post-translationalen Modifikation von NapA beteiligt sind (Sparacino-Watkins *et al.*, 2014). Für die Maturation von NapB als Cytochrom *c* mit zwei integrierten Häm *c* codiert in unmittelbarer Nachbarschaft des *nap*-Operons das Cytochrom-*c*-Biogenesesystem Ccm der Klasse I (Thöny-Meyer, 2002). Das Set aus acht *ccm*-Genen ist vermutlich

translational mit den *nap*-Genen gekoppelt (Cramm, 2009). Die vorliegenden Proteomdaten zeigten jedoch, dass keine Genprodukte des *ccm*-Clusters in den untersuchten Proben präsent waren. Auch von einem zweiten *ccm*-Cluster auf Chromosom 2 (*h16_B0952* – *h16_B0959*) wurden keine Proteine detektiert. Es ist daher zu vermuten, dass ein anderes System bei der Cytochrom-*c*-Biogenese eine Rolle spielt. In der Tat findet sich im Genom von *R. eutropha* mit den Genen *h16_A3449* (*ccsA*), *h16_A3450* (*ccsB*) und *h16_A3455* (*dsbD*) ein alternatives Cytochrom-*c*-Biogenesesystem der Klasse II (Feissner *et al.*, 2006; Beckett *et al.*, 2000), das in den untersuchten Zellen in etwa gleichen Mengen detektiert wurde. Dieses ist in *R. eutropha* wahrscheinlich für die Biosynthese periplasmatischer Cytochrom-*c*-Proteine unter aeroben sowie anaeroben Bedingungen verantwortlich (Kohlmann *et al.*, 2014).

Neben den beiden dissimilatorischen NO₃-Reduktasen NAR und NAP katalysiert als assimilatorisches Enzym die NAS im Zuge der Versorgung der Zelle mit Ammonium als Stickstoffquelle eine NADH-abhängige NO₃-Reduktion (Warnecke-Eberz & Friedrich, 1993). Die Bildung der NAS ist O₂-unabhängig, wird jedoch durch Ammonium inhibiert (Warnecke-Eberz & Friedrich, 1993). Da dem Medium Ammoniumchlorid zugegeben wurde, war eine Detektion der NAS in der hier vorliegenden Arbeit wie zu erwarten nicht zu verzeichnen.

NIR gehört zu den Cytochrom-*cd*₁-NO₂⁻-Reduktasen und katalysiert als homodimeres NirS, im Periplasma lokalisiert, die Reduktion von NO₂⁻ zu NO. NirS wird auf Chromosom 2 zusammen mit einem Cytochrom *c* als putativen Elektronendonator der NIR (NirC) sowie akzessorischen Proteinen, die an der Bildung des Häm *d*₁ bzw. seiner Insertion in das NirS-Apoenzym involviert sind (NirF, -D, -G, -H, -J, -N, -E), codiert (Hasegawa *et al.*, 2001; Kawasaki *et al.*, 1997; Zumft, 1997). Bis auf die mit 12 bzw. 18 kDa relativ kleinen Proteine NirC und NirH, ließen sich alle entsprechenden Komponenten im Proteom der denitrifizierenden Zellen finden. Dabei waren NirF, NirD und NirJ ausschließlich in der Membranfraktion detektierbar.

Eine Membranassoziation der NIR wurde in *R. eutropha* noch nicht beschrieben. Die *In-silico*-Analyse der Aminosäuresequenz zur Vorhersage der Proteinlokalisierung (siehe 2.11) offenbarte jedoch eine Lipoprotein-Signalsequenz in NirF. In Übereinstimmung mit diesen Ergebnissen konnte für NirF aus *P. aeruginosa* experimentell eine Verankerung in der inneren Membran sowie die Interaktion mit weiteren Nir-Proteinen inklusive NirS nachgewiesen werden (Nicke *et al.*, 2013), was letztlich einen membranassoziierten Maturationsprozess der NIR vermuten lässt.

Die Umsetzung von NO zu N₂O durch NorB mit insgesamt 14 transmembranen Helices ist ein membranassoziierter Prozess (Cramm *et al.*, 1997) und führte in der Proteomanalyse entsprechend zu einer vorwiegenden Präsenz der NOR in der Membranfraktion. Das Produkt des mit *norB* cotranskribierten Gens *norA* war in etwa gleichen Mengen in der löslichen als auch in der Membranfraktion vorzufinden. Dies spiegelt die putativen Funktionen von NorA wider, nach denen es NO als hydrophobes Molekül mit Affinität zur Membran bindet und in Antwort darauf die Expression des *norAB*-Operons moduliert (Strube *et al.*, 2007).

Das *nosZ*-Gen für die N₂O-Reduktase liegt auf pHG1 zusammen mit den Genen, die für die Proteinassemblierung und die Maturation des Kupfercenters codieren. Für die N₂O-Reduktase aus *R. eutropha* wurde eine Lokalisation im Periplasma beschrieben (Bernhard *et al.*, 2000). Aus den vorliegenden Proteomdaten ist allerdings eine Anreicherung von NosZ innerhalb der Membranfraktion ersichtlich. Inwieweit diese, wie für *Flexibacter canadensis*, *Thiobacillus denitrificans* und *Bacillus azotoformans* gezeigt, (Zumft & Kroneck, 2007) physiologisch ist oder auf eine Aggregatbildung während der Probenpräparation zurückführt, bleibt Gegenstand weiterer Untersuchungen.

Neben der Synthese der Denitrifikationsenzyme erfuhr die Atmungskette auch eine Umstrukturierung seitens der zur Verfügung stehenden terminalen Oxidasen. Im Proteom denitrifizierender Zellen konnte eine verstärkte Bildung der *cbb₃*-Cytochrom-Oxidase Cco beobachtet werden. Cytochrom-Oxidasen vom *cbb₃*-Typ sind unter der Gruppe der Proteobakterien weit verbreitet (Cosseau & Batut, 2004; Myllykallio & Liebl, 2000). Eine verstärkte Bildung speziell unter anaeroben Bedingungen wurde auch für *P. aeruginosa*, *P. denitrificans*, *Campylobacter jejuni* und *H. pylori* beschrieben (Williams *et al.*, 2007; Otten *et al.*, 2001; Smith *et al.*, 2000).

Für das Enzym aus *B. japonicum* wurde eine hohe O₂-Affinität ermittelt und die Vermutung geäußert, dass damit die gleichzeitige Nutzung von O₂ und oxidierten Stickstoffverbindungen als terminale Elektronenakzeptoren ermöglicht wird (Preisig *et al.*, 1993). Des Weiteren wird eine regulatorische Funktion der Cco als Redoxsensor diskutiert (Oh *et al.*, 2004). Hinweise, dass die *cbb₃*-Cytochrom-Oxidase Cco auch in *R. eutropha* eine entscheidende Rolle bei der Adaptation an O₂-limitierte Bedingungen spielt, finden sich zudem auf genetischer Ebene. So liegt (I) das Gen für Fnr3 stromabwärts und (II) ein FNR-Regulator-Bindemotiv unmittelbar stromaufwärts des *cco*-Genclusters (Cramm, 2009).

Bezüglich der Atmungskette soll an dieser Stelle auch die erhöhte Menge der *bd*-Typ-Oxidase Erwähnung finden. Bereits 1991 wurde von Kömen *et al.* die Aktivität einer

Oxidase des *bd*-Typs in Zellen der spätlogarithmischen Wachstumsphase beschrieben. Diese ist vermutlich auf Cyd1 zurückzuführen, da Cyd1 in der vorliegenden Arbeit als einzige der beiden im Genom codierten *bd*-Typ-Oxidasen in denitrifizierenden Zellen detektiert wurde. Die Identifizierung beschränkte sich jedoch auf die Phase der NO-Produktion. Im Gegensatz zu den restlichen im Genom codierten terminalen Oxidasen Cta, Cco, Cox und Cyo gehört die *bd*-Typ-Oxidase Cyd nicht der Gruppe der Häm-Kupfer-Oxidasen an und ist durch eine geringe NO-Inhibierungssensitivität charakterisiert (Borisov *et al.*, 2011; Mason *et al.*, 2009). Die Bildung der Cyd lässt sich daher als Mechanismus der Adaptation an NO-Stress werten.

4.3.2 Metabolische Funktionen dienen der Redoxbalance

Neben den Enzymen der Atmungskette sind vermutlich auch fermentative Prozesse am Metabolismus unter anaeroben Bedingungen beteiligt. Dieser Vermutung liegt die verstärkte Bildung von Gärungsenzymen zugrunde.

Tatsächlich ließ sich bei Anzucht des zu *R. eutropha* H16 nah verwandten Stammes N9A unter O₂-Mangelbedingungen das Ausscheiden typischer Gärungsprodukte wie Lactat, 2,3-Butandiol, Ethanol und Acetat beobachten (Vollbrecht *et al.*, 1979). *R. eutropha* N9A wie auch H16 sind jedoch strikt respiratorische Organismen, was bedeutet, dass bei Abwesenheit äußerer Elektronenakzeptoren kein Wachstum stattfindet (Steinbüchel & Schlegel, 1984; Bowien & Schlegel, 1981). Als eine Ursache dafür wird die geringe ATP-Ausbeute diskutiert, die sich aus der Substratverwertung über den Entner-Doudoroff-Weg ergibt (Steinbüchel, 1983).

Die Derepression NAD⁺-abhängiger Dehydrogenasen in Antwort auf O₂-Mangel (Steinbüchel & Schlegel, 1984, 1983a, 1983b) versetzt den Organismus zumindest in die Lage, das in Folge des fehlenden Elektronenakzeptors zunehmende NADH/NAD⁺-Verhältnis auszugleichen. Auch molekularer Wasserstoff gehört zu den beobachteten Ausscheidungsprodukten (Kuhn *et al.*, 1984) und könnte, der Abundanz von Hydrogenase-spezifischen Maturations- und Strukturproteinen nach (siehe 3.2.10), auch in denitrifizierenden Zellen zur Beseitigung überschüssiger Reduktionsäquivalente beitragen (Tiemeyer *et al.*, 2007).

Auch bei der Bildung von PHB als intrazelluläres Speicherprodukt werden Reduktionsäquivalente in Form von NADH oxidiert (Kuhn *et al.*, 1984; Senior & Dawes, 1973). Die Enzyme der PHB-Biosynthese wurden unter anaeroben als auch aeroben Bedingungen gebildet. Ihr Regulationsprofil ist von besonderem Interesse im Hinblick auf die im Genom codierten Isologe und deren physiologische Funktion.

In Übereinstimmung mit den vorliegenden Proteomdaten ließen sich beispielsweise die β -Ketoacyl-CoA-Reduktasen PhaB1 und PhaB3 durch Transkriptions- und Mutationsstudien als relevant für die PHB-Biosynthese in exponentiell mit Fructose wachsenden Zellen einstufen (Budde *et al.*, 2010). Für PhaB2 konnten hingegen bislang keine Bedingungen ermittelt werden, die zu dessen Biosynthese führt (Budde *et al.*, 2010; Peplinski *et al.*, 2010). Die vorliegende Arbeit, in der PhaB2 unter anaeroben Bedingungen detektiert wurde, könnte indes einen wertvollen Hinweis geben, welche Faktoren an der Expressionskontrolle von *phaB2* sowie dem unmittelbar benachbarten und für eine zweite PHA-Synthase codierenden Gen *phaC2*, beteiligt sind.

Ähnlich zu den Isoenzymen der PHB-Biosynthese ist auch die Untersuchung der Phasinhomologe PhaP1-4 Gegenstand der aktuellen Forschung (Pfeiffer & Jendrossek, 2014; Ushimaru *et al.*, 2014). PhaP1 gilt dabei mit einem Anteil von 3 – 5 % am Gesamtprotein als das Hauptphasin, wohingegen PhaP2-4 lediglich in geringen Mengen nachgewiesen werden (Reinecke & Steinbüchel, 2009; Pötter *et al.*, 2004; Wieczorek *et al.*, 1995). Die Daten aus der vorliegenden Proteomanalyse stimmen mit diesen Beobachtungen überein, mit Ausnahme zu PhaP2, das in anaerob gewachsenen Zellen in ähnlich hohen Mengen wie PhaP1 zu finden war. Ein solches Regulationsprofil wurde für PhaP2 zuvor noch nicht beschrieben und stellt daher einen möglichen Aspekt für zukünftige Untersuchungen zur Funktion der Phasine dar.

Die PHB-Biosynthese ist ein NADPH-abhängiger Prozess (Kim *et al.*, 2014; Budde *et al.*, 2010). NADPH wird durch NAD(P)⁺-Transhydrogenasen aus NADH und NADP⁺ hergestellt (Sauer *et al.*, 2004; Jackson, 2003). Für die NADP⁺-Bildung wiederum ist die NAD⁺-Kinase verantwortlich. In PHB-biosynthetisierenden Zellen werden NAD(P)⁺-Transhydrogenasen als stark hochreguliert beschrieben (Raberg *et al.*, 2011). Beide Enzyme zeigten unter anaeroben Bedingungen eine deutliche Runterregulation. Diese Beobachtung ist in Übereinstimmung mit experimentellen Befunden, nach denen keine NAD(P)⁺-Transhydrogenase-Aktivität in denitrifizierenden Zellen gemessen werden konnte (Cramm, 2009). Die Synthese von PHB zur Reduzierung der zellinternen Reduktionskraft in Form von NAD(P)H spielt daher in denitrifizierenden Zellen vermutlich keine Rolle.

4.3.3 Die toxische Wirkung von O₂ und NO beeinflusst das Proteinprofil anaerob lebender Zellen

Neben seiner Funktion als Reduktionsmittel für anabole Prozesse spielt NADPH auch im Zuge der oxidativen Stressantwort eine Rolle (Hickman *et al.*, 2002). Beispielsweise wenn sich Zellen mit unter anderem im Verlauf der aeroben Atmung entstehenden reaktiven O₂-Spezies konfrontiert sehen müssen. In diesem Sinne stellt eine verstärkte Bildung der NAD(P)⁺-Transhydrogenase und NAD⁺-Kinase in aerob wachsenden Zellen einen physiologisch sinnvollen Mechanismus der Adaptation an O₂ als Zellgift dar.

Die Glutathion-Peroxidase ist ein weiteres Enzym zur Abwehr reaktiver O₂-Spezies (Mittler, 2002), dass unter aeroben Bedingungen hochreguliert war. Sie katalysiert die Glutathion-abhängige Reduktion von organischen Peroxiden und Wasserstoffperoxid.

Eine weitere reaktive O₂-Verbindung ist das Superoxidanionradikal (O₂^{•-}), gegen das die Fumarase FumA als Klasse I Enzym der Fumarasen eine erhöhte Empfindlichkeit aufweist (Park & Gunsalus, 1995). Die verstärkte Synthese von FumC als O₂-tolerantes Isoenzym von FumA in aerob wachsenden *R. eutropha*-Zellen kann daher als Adaptation des zentralen Kohlenstoffmetabolismus an die oxidativen Bedingungen, denen die aerob lebenden Zellen ausgesetzt sind, gewertet werden.

Während der anaeroben Lebensweise mittels Denitrifikation entsteht NO als toxisches Zwischenprodukt. Innerhalb der Atmungskette inhibiert NO durch Binden von Cu_B und Häm a₃ beispielsweise Cytochrom-c-Oxidasen (Torres *et al.*, 1995). Wie bereits zuvor erwähnt, kann *R. eutropha* im Fall von NO-Stress auf eine NO-resistente Oxidase vom *bd*-Typ zurückgreifen.

NO ist weiterhin bekannt dafür, dass es zu DNA-Strangbrüchen führt und die Zelle dadurch schwer schädigt (Wink & Mitchell, 1998). Ihr Auftreten aktiviert die sogenannte SOS Antwort, zu der die Hochregulation von DNA-Reparaturenzymen wie dem UvrABC Endonuklease-Komplex gehört (Butala *et al.*, 2009). Das UvrABC-System ist unter anaeroben Bedingungen herunterreguliert. Die Untereinheiten UvrB und UvrC sowie mehrere Helikasen und Pyrophosphohydrolasen konnten lediglich unter aeroben Bedingungen identifiziert werden. Dies lässt vermuten, dass *R. eutropha* alternative, wirksame Schutzmechanismen gegen das während der Denitrifikation gebildete NO besitzt. In diesem Zusammenhang wurde das NO-bindende und unter O₂-limitierten Bedingungen induzierte Protein Flavohämoglobin Fhp als funktionell beschrieben (Poole & Hughes, 2000; Cramm *et al.*, 1994; Probst *et al.*, 1979).

Weiterhin reagiert NO unter Ausbildung von Dinitrosyl-Dithiol-Eisen-Komplexen mit den FeS-Zentren von Enzymen und führt dadurch zu deren Inaktivierung (Landry *et al.*,

2011). Innerhalb des TCA-Zyklus enthalten die Isoenzyme der Aconitase, AcnA und AcnB, FeS-Cluster. Beide genetisch wie auch funktionell distinkte Enzyme sind in *E. coli* gut untersucht (Jordan *et al.*, 1999; Cunningham *et al.*, 1997). AcnA, das sich durch eine hohe Citrat-Affinität auszeichnet, wird in der stationären Phase und bei Stress induziert. AcnB, dass als eher instabil gilt, wird vorwiegend während des exponentiellen Wachstums gebildet (Jordan *et al.*, 1999; Cunningham *et al.*, 1997; El-Mansi *et al.*, 1985).

Die beiden Aconitasen aus *R. eutropha* sind mit einer Sequenzidentität von 54 % für AcnA und 73 % für AcnB denen aus *E. coli* sehr ähnlich. Wohingegen AcnA in der vorliegenden Proteomstudie keine Veränderungen in Abhängigkeit von der O₂-Verfügbarkeit zeigte, war AcnB in denitrifizierenden Zellen hochreguliert. Die inhibierende Wirkung von NO auf Aconitasen ist bereits vielfach beschrieben worden (Gupta *et al.*, 2012; Gardner *et al.*, 1998a). Jedoch gibt es Hinweise, dass die Inhibierung nicht Grund einer direkten Bindung von NO an die FeS-Zentren ist, sondern diese durch Peroxynitrit, dem Produkt der Reaktion von O₂⁻ und NO, verursacht wird (Hausladen & Fridovich, 1994). Inwieweit die verstärkte Bildung von AcnB unter anaeroben Bedingungen auf eine Adaptation an NO-Stress zurückzuführen ist oder vielmehr eine energetische Relevanz besitzt, bleibt daher Gegenstand weiterer Untersuchungen.

4.3.4 Alternative Stoffwechselwege substituieren O₂-abhängige Reaktionen

Nachdem bisher die Veränderungen im Proteom in Hinsicht auf die zelltoxische Wirkung von NO und O₂ diskutiert wurden, soll als nächstes auf die Adaptation eingegangen werden, die sich aus dem Fehlen von O₂ als Cosubstrat metabolischer Reaktionen ergibt. Da diese dem anaeroben Stoffwechsel vorenthalten sind, bedarf es alternativer O₂-unabhängiger Mechanismen.

So wird die Reduktion von Ribonukleotiden zu 2'-Desoxyribonukleotiden, als letzter Schritt der DNA-Synthese, unter aeroben Bedingungen durch die Ribonukleotid-Reduktase NrdAB katalysiert (Torrents *et al.*, 2002; Reichard, 1993). Die Aktivierung des Enzyms erfolgt dabei strikt O₂-abhängig über Radikalisierung des katalytisch-relevanten Tyrosylrests (Ling *et al.*, 1994; Petersson *et al.*, 1980).

Unter anaeroben Bedingungen war als alternatives Enzymsystem die Vitamin B₁₂-abhängige Ribonukleotid-Reduktase NrdJ hochreguliert. Da *R. eutropha* nicht in der Lage ist, Vitamin B₁₂ *de novo* zu synthetisieren und kein Vitamin B₁₂ oder Vorstufen davon dem Medium zugefügt wurden, ist nicht davon auszugehen, dass NrdJ an der DNA-Synthese in denitrifizierenden Zellen beteiligt ist.

Im Zuge einer *on/off*-Regulation waren zudem die anaerobe Ribonukleotid-Reduktase NrdD (100-fach) mit der dazugehörigen Aktivase NrdG (vierfach) hochreguliert. NrdD und NrdG werden in einem Operon codiert. In Übereinstimmung mit dem stringenten Regulationsprofil von NrdD und NrdG befindet sich stromaufwärts der Gene *nrdDG* ein charakteristisches FNR-Bindemotiv (Siedow *et al.*, 1999). Weitere Untersuchungen der *nrdDG*-Genregion offenbarten eine schwache Ribosomenbindestelle vor *nrdG*, was das ungleiche Ausmaß der Hochregulation beider Proteine erklärt (Siedow *et al.*, 1999).

Eine Strategie beim Umgehen O₂-abhängiger Reaktionen ist der bei der Biosynthese von Coenzymen häufig anzutreffende Einsatz von SAM-abhängigen Enzymen, die über radikalische Intermediate chemisch schwierige Reaktionen realisieren können. Ein Beispiel für eine solche Reaktion ist die für die Häm-Biosynthese relevante Bildung von Protoporphyrinogen IX. Unter aeroben Bedingungen erfolgt die Reaktion O₂-abhängig durch die Coproporphyrinogen III-Oxidase HemF (H16_A0914). HemF war unter beiden Bedingungen annähernd gleich stark präsent. In denitrifizierenden Zellen war zusätzlich die SAM-abhängige Coproporphyrinogen III-Oxidase HemN hochreguliert, wobei aufgrund der erhöhten Mengen an HemN in der Membranfraktion zu vermuten ist, dass es vorwiegend an der Membran lokalisiert ist. Bereits für das HemN aus *E. coli* wurde eine Membranassoziation postuliert (Layer *et al.*, 2002). Untersuchungen durch Lieb *et al.* (1998) belegen, dass HemN in *R. eutropha* essentiell für das anaerobe Wachstum ist, was durch eine FNR-Bindestelle im *hemN*-Promotorbereich untermauert wird. Ebenso wurde für den *hemN*-Promotor von *P. aeruginosa* neben Anr, NarL und dem *integration host factor* (IHF) ein FNR-Typ-Regulator beschrieben (Krieger *et al.*, 2002). Es ist daher davon auszugehen, dass HemN bei O₂-Abwesenheit die Häm-Biosynthese mitkatalysiert.

4.3.5 Der zentrale Kohlenstoffmetabolismus steht mit der ADH und LDH in Konkurrenz um Metabolite

Weiterhin zeigten sich mit LipA und BioB zwei SAM-abhängige Enzyme der Liponsäure- bzw. Biotinbiosynthese als anaerob hochreguliert. Für sie liegen jedoch keine O₂-abhängigen Isoenzyme vor. Biotin findet als prosthetische Gruppe von Carboxylasen wie der Pyruvat-Carboxylase Verwendung. Liponsäure wirkt antioxidativ gegenüber reaktiven O₂-Spezies und reduziert Antioxidantien wie Vitamin C oder Glutathion (Packer *et al.*, 1995). Zudem ist es ein Cofaktor verschiedener Multienzym-Komplexe wie der Glycin-Decarboxylase, α -Ketoglutarat-Dehydrogenase und Pyruvat-Dehydrogenase. Ein weiteres Coenzym der Pyruvat-Dehydrogenase ist Thiamin. An der Thiaminbiosynthese sind die beiden Enzyme ThiO und ThiE beteiligt. Auch sie waren

unter anaeroben Bedingungen verstärkt präsent. Die erhöhten Mengen an LipA, ThiO und ThiE lassen einen gesteigerten Bedarf an Liponsäure bzw. Thiamin in anaerob wachsenden Zellen vermuten. Sie könnten auf die ebenfalls unter anaeroben Bedingungen verstärkt präsente Pyruvat-Dehydrogenase zurückzuführen sein.

Neben der Pyruvat-Dehydrogenase waren auch die Enzyme des Glyoxylat-Zyklus, Isocitrat-Lyase IclA und Malat-Synthase AceB, sowie die Isocitrat-Dehydrogenase Icd1 anaerob hochreguliert. Diese Konstellation könnte zu einer verstärkten Nachfrage an Citrat führen und angesichts der anaerob ebenso hochregulierten Gärungsenzyme, Aldehyd-Dehydrogenase und Lactat-Dehydrogenase, eine Strategie des strikt respiratorischen Organismus darstellen, den Kohlenstofffluss in Richtung der oxidativen Reaktionen des TCA-Zyklus zu leiten. Auch die verstärkten Mengen der Aconitase AcnB könnten bei dieser Kohlenstoffflussregulierung beteiligt sein. Der Glyoxylat-Zyklus wäre diesen Überlegungen nach als bifunktionell anzusehen, da er (I) eine anaplerotische Funktion erfüllt und (II) in der Ausbalancierung des Kohlenstoffflusses involviert ist.

4.3.6 Zellform und -struktur stehen unter dem Einfluss der O₂-Verfügbarkeit

Zusätzlich zu den Veränderungen im Metabolismus gab die vorliegende Proteomarbeit auch Hinweise auf zellmorphologische Unterschiede zwischen aerob und anaerob wachsenden Zellen. So offenbarten Proteine, die mit der Bildung und Funktion von Flagellen, Fimbrien, Flp-Pili und Typ-IV-Pili zusammenhängen, eine deutliche Runterregulation in denitrifizierenden Zellen. In Untersuchungen durch Raberg *et al.* (2008) wurde gezeigt, dass *R. eutropha* stark in der exponentiellen Phase flagelliert ist und der Übergang in die stationäre Phase, ausgelöst durch Stickstoffmangel, mit einem Verlust an Flagellen einhergeht. Diese Beobachtungen wurden durch Transkriptdaten bestätigt (Brigham *et al.*, 2012; Peplinski *et al.*, 2010). O₂ lag hierbei nicht limitiert vor.

Die vorliegende Arbeit zeigt, dass auch die O₂-Verfügbarkeit die Flagellenbildung beeinflusst. In der Proteomanalyse zur anaeroben Lebensweise des humanpathogenen Organismus *Vibrio cholerae* wurde ebenfalls eine starke Runterregulation eines Flagellenproteins diagnostiziert, was als Adaptation im Zuge eines Infektionsprozesses verstanden wird (Kan *et al.*, 2004). Eine hingegen verstärkte Bildung des Flagellenproteins FliC wurde in *P. aeruginosa* beim Wachstum unter anaeroben Bedingungen beobachtet (Van Alst *et al.*, 2007; Wu *et al.*, 2005). FliC wurde in diesem Zusammenhang eine Bedeutung bei der Biofilmbildung zugesprochen. Für *R. eutropha* H16 ist eine Häutchenbildung in stehender aerober Kultur beschrieben, eine pathogene Eigenschaft wurde dem Organismus jedoch nicht nachgewiesen (Pohlmann *et*

al., 2006; Wilde, 1962). Die physiologische Bedeutung und biochemischen Hintergründe der beobachteten morphologischen Veränderungen bleiben Gegenstand weiterer Untersuchungen.

4.3.7 Abschließende Betrachtung zum Proteom denitrifizierender *R.-eutropha*-Zellen

Der Übergang vom aeroben zum anaeroben Wachstum durch NO_3^- -Atmung geht in *R. eutropha* mit einer Vielzahl von Veränderungen im Proteinbestand der Zelle einher (grafische Zusammenfassung siehe Abbildung 35).

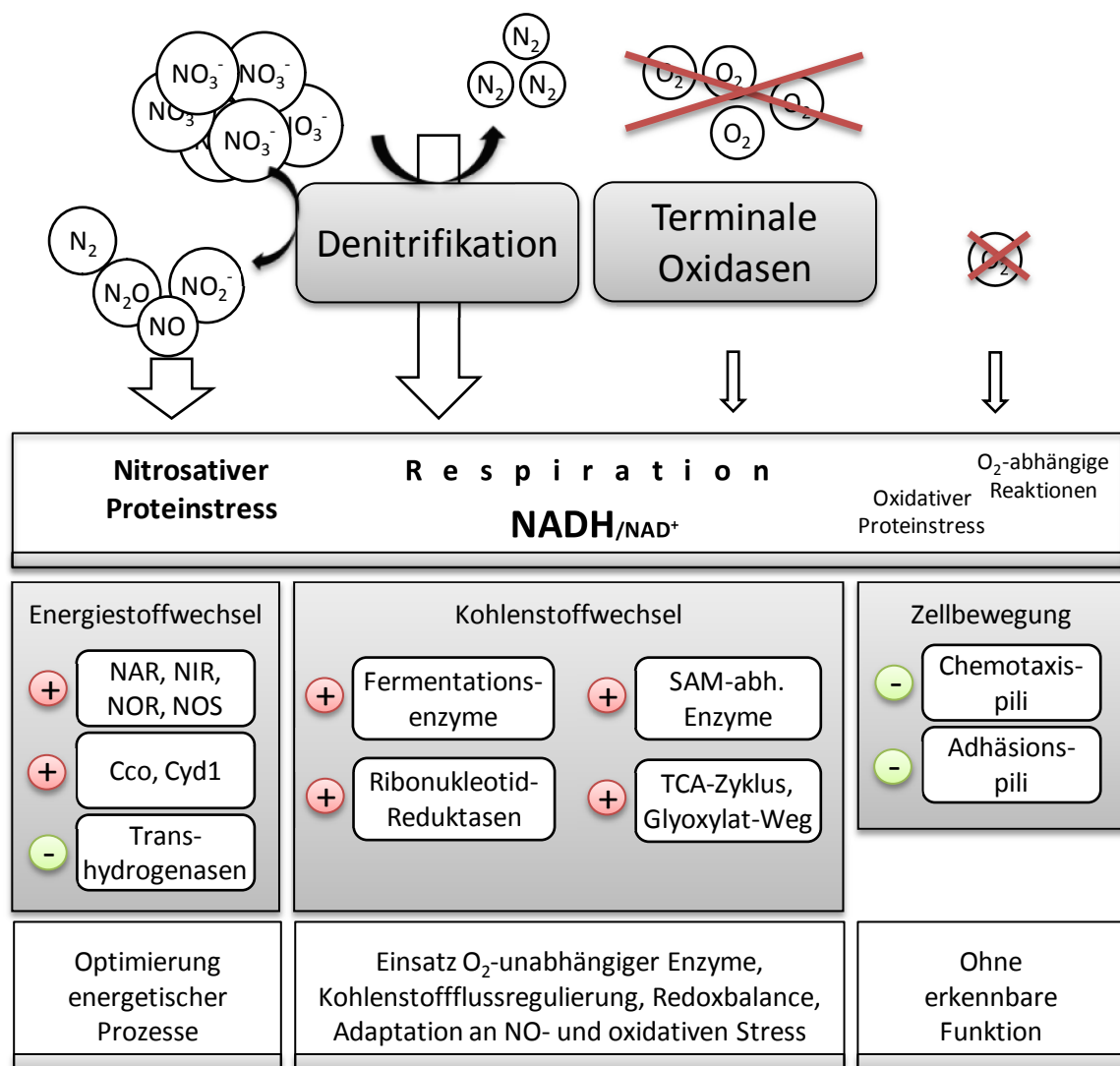


Abbildung 35 Überblick: Ergebnisse der Proteomanalyse anaerob wachsender Zellen im physiologischen Kontext. Unter anaeroben Bedingungen hochregulierte Funktionen sind mit einem Plus (+) versehen. Eine Runterregulation ist durch ein Minus (-) gekennzeichnet. Die beobachteten Veränderungen im Proteom lassen sich als Mechanismen zur Optimierung des Energiehaushalts und der Redoxbalance, zur Regulierung des Kohlenstoffflusses sowie als Adaptation an NO - und oxidativen Stress und die Verfügbarkeit von O_2 als Cosubstrat verstehen.

Die O₂-Abwesenheit führt zu Veränderungen innerhalb der Elektronentransportkette. Neben der Induktion der Denitrifikationsenzyme war auch die putative hoch O₂-affine terminale Oxidase Cco hochreguliert. Die verstärkte Bildung von Enzymen des Gärungsstoffwechsels wirkt vermutlich ausgleichend auf den Redox-Haushalt der Zellen, verlangt jedoch auch nach einer Regulation des Kohlenstoffflusses. An dieser könnten die unter anaeroben Bedingungen in erhöhten Mengen gebildeten Enzyme des TCA-Zyklus und des Glyoxylat-Wegs beteiligt sein. Des Weiteren zeigten sich mit der anaeroben Ribonukleotid-Reduktase NrdD und der SAM-abhängigen Coproporphyrinogen III-Oxidase HemN zu O₂-abhängigen Systemen alternative O₂-unabhängige Enzyme als anaerob hochreguliert. Neben der Funktion von O₂ als terminaler Elektronenakzeptor und Cosubstrat im Metabolismus fungiert er auch als Ausgangspunkt für die Bildung reaktiver O₂-Spezies. Auf den damit einhergehenden oxidativen Stress ist bei aerober Lebensweise vermutlich das Regulationsprofil der NAD(P)⁺-Transhydrogenase, NAD⁺-Kinase, Glutathion-Peroxidase und der O₂-stabilen Fumarase FumC zurückzuführen. Für die Abwehr von Schäden, die durch nitrosativen Stress verursacht durch NO als ein Zwischenprodukt der Denitrifikation herrühren, fanden sich mit dem NO-bindenden Flavohämoprotein Fhp und der *bd*-Typ-Cytochrom-Oxidase Cyd Mechanismen der Adaptation in den denitrifizierenden Zellen. Das Regulationsprofil diverser Zellanhängsel ließ sich nicht in physiologischen Kontext bringen.

4.4 *R. eutropha* H16 besitzt zwei Typ-VI-Sekretionssysteme

In beiden Proteomstudien konnten Komponenten eines Sec-unabhängigen Proteintransportsystems detektiert werden. Hierbei handelt es sich um das erst kürzlich in *V. cholerae* und *P. aeruginosa* beschriebene Typ-VI-Sekretionssystem (Bingle *et al.*, 2008; Mougous *et al.*, 2006; Pukatzki *et al.*, 2006), welches seine Bezeichnung in Anlehnung an die bisher bekannten Sekretionssysteme (Typ I – V) erhielt. Es findet in pathogenen wie auch in nicht-pathogenen gram-negativen Bakterien eine weite Verbreitung (Jani & Cotter, 2010). Mit seiner Fähigkeit, Proteine vom Cytoplasma aus in die Umgebung oder gar in andere Zellen zu translozieren, wird es mit einer breiten Palette an Funktionen wie Pathogenese, Biofilmbildung oder Stresssensierung in Verbindung gebracht (Leung *et al.*, 2011; Bernard *et al.*, 2010; Schwarz *et al.*, 2010; Pieper *et al.*, 2009).

Typ-VI-Sekretionssysteme werden in Genclustern codiert. Insgesamt lassen sich 13 konservierte Proteine definieren und in drei Kategorien unterscheiden. Dazu gehören (I) Komponenten eines Membran-assoziierten Komplexes (TssL, TssM, TssJ), (II) Komponenten eines dem Injektionsapparat des Bakteriophagen T4 ähnlichen Komplexes (VgrG, Hcp, TssB, TssC, TssE) und (III) eine ClpV-ATPase sowie weitere nicht funktionell näher charakterisierte Proteine (TssA, TssF, TssG, TssK) (Silverman *et al.*, 2012).

In-silico-Analysen von Boyer *et al.* (2009) identifizierten für *R. eutropha* zwei entsprechende Gencluster. Eines liegt mit 13 konservierten Genen auf Chromosom 1 lokalisiert. Ein weiteres befindet sich auf Chromosom 2. Eine Zusammenstellung der spezifischen Proteine befindet sich in Tabelle 14. In den beiden Proteomstudien zeigten die Proteine ein distinktes Regulationsmuster. Wohingegen bezüglich des Locus auf Chromosom 1 lediglich Hcp detektiert wurde, konnten für das auf Chromosom 2 codierte Sekretionssystem Komponenten aller drei Kategorien identifiziert werden (TssM, Hcp1, TssB, TssA, ClpV1). Sie waren sowohl beim Leben mit H₂/CO₂ verglichen zum heterotrophen Wachstum auf Succinat, als auch beim aeroben verglichen zum anaeroben Wachstum auf Fructose hochreguliert.

Neben den Genen für die benannten konservierten Proteine finden sich weitere akzessorische Gene innerhalb oder in näherer Umgebung der Typ-VI-Sekretionssystem-Cluster (Pukatzki *et al.*, 2009). Sie können für regulatorische Komponenten oder Effektorproteine der Sekretionssysteme codieren. Auf Grundlage der vorliegenden Genorganisation innerhalb und in unmittelbarer Nähe der Gencluster wurden durch Bingle *et al.* (2008) und Boyer *et al.* (2009) Subgruppen der Typ-VI-Sekretionssysteme

definiert. Die beiden Genregionen in *R. eutropha* lassen sich der Subgruppe III (*h16_A0641* – *h16_A0669*) und IV (*h16_B2408* – *h16_B2439*) zuordnen (Boyer *et al.*, 2009).

Das Vorliegen multipler Sekretionssysteme im Genom eines Organismus ist nicht selten. Beispielsweise konnten *Yersinia pestis* vier und *Burkholderia pseudomallei* sechs Gencluster zugeordnet werden (Jani & Cotter, 2010; Shalom *et al.*, 2007). Inwieweit es sich bei den beiden Systemen in *R. eutropha* um Duplikationen oder in unterschiedlichen Ereignissen durch horizontalen Gentransfer erworbene Systeme handelt, ist offen. Allerdings lässt die unterschiedliche Subgruppenzuordnung auch unterschiedliche Funktionen der beiden Systeme vermuten. Diese Hypothese wird durch die in beiden Proteomstudien belegte differenzielle Regulation gestützt.

4.5 Der pleiotrope Effekt einer *gloR*-Deletion in *R. eutropha*

In natürlichen Habitaten sind Mikroorganismen einem sich ständig ändernden Nährstoffangebot ausgesetzt. Eine Überlebensstrategie bietet die Fähigkeit, auf einer breiten Palette an Substraten wie beispielsweise auf organischen und anorganischen Energiequellen gedeihen zu können. Die optimale Ausnutzung der sich bietenden Wachstumsbedingungen setzt neben einer genetischen Vielfalt des Organismus auch ein hohes Maß an Regulation voraus. Die koordinierte Expression von Genen mit dem Ziel, effizienter verwertbare Substrate bevorzugt zu nutzen, wird Katabolitkontrolle genannt (Görke & Stülke, 2008; Magasanik, 1961).

4.5.1 PTS-abhängige und -unabhängige Regulationssysteme der Katabolitkontrolle

Mikroorganismen haben unterschiedliche Wege der Katabolitkontrolle entwickelt. Gut untersuchte Systeme sind die von *E. coli* und *B. subtilis* (Green *et al.*, 2014; Warner & Lolkema, 2003). In beiden Organismen ist das Phosphotransferasesystem (PTS) involviert. Hierbei wird die Substrataufnahme durch einen spezifischen Transporter (EIIABC) mit einer Substratphosphorylierung über die Phosphorylierungskaskade $\text{PEP} \rightarrow \text{EI} \rightarrow \text{HPr} \rightarrow \text{EIIA} \rightarrow \text{EIIB} \rightarrow \text{Substrat}$ gekoppelt.

In *E. coli* wird die Aufnahme alternativer Zucker solange nicht aktiviert, wie in Folge der Aufnahme von Glucose als favorisiertes Substrat die EIIA^{Glc} -Domäne des Glucosetransporters vorwiegend dephosphoryliert vorliegt. In Abwesenheit von Glucose wird der Phosphorylierungsfluss der Kaskade blockiert und EIIA^{Glc} verbleibt phosphoryliert. In diesem Zustand stimuliert es die Adenylat-Zyklase, welche die intrazelluläre Konzentration an zyklischem Adenosinmonophosphat (cAMP) erhöht. Im Komplex mit dem cAMP-Rezeptorprotein (CRP) bindet es an Promotoren kataboler Gene zur Verwertung alternativer Substrate und unterstützt so deren Expression.

In *B. subtilis* basiert die Katabolitkontrolle auf der stimulierenden Wirkung von Fructose-1,6-bisphosphat auf die HPr-Kinase (HPrK), die ihrerseits die PTS-Komponente HPr an einem Serinrest phosphoryliert. Beim Wachstum auf präferierten Substraten sind die Fructose-1,6-bisphosphat- und ATP-Konzentration hoch, woraus erhöhte Mengen an Serin-phosphoryliertem HPr (HPr-Ser-P) resultieren. Gebunden an dem Transkriptionsrepressor CcpA führt HPr-Ser-P zur Repression jener Gene, die dem Abbau alternativer Substrate dienen.

Im Genom von *R. eutropha* findet sich kein Gen, das für ein CcpA codiert. Allerdings liegen Gene für diverse PTS-Komponenten vor (Kaddor & Steinbüchel, 2011; Cases *et al.*,

2007). So wird *N*-Acetylglucosamin vermutlich über ein PTS, bestehend aus NagF (EI/HPr/EIIN^{Nag}) und NagE (EIIB^{Nag}/EIIC^{Nag}), transportiert (Kaddor & Steinbüchel, 2011; Pohlmann *et al.*, 2006). Ein weiteres, jedoch unvollständiges PTS wird mit der Regulation des PHB-Metabolismus in Verbindung gebracht (Kaddor *et al.*, 2012; Kaddor & Steinbüchel, 2011; Krauße *et al.*, 2009; Pries *et al.*, 1991). Eine Beteiligung dieser Systeme an der Katabolitkontrolle von *R. eutropha* wurde bisher nicht beschrieben.

Als PTS- und CRP-unabhängige Regulationssysteme sind beispielsweise in *Pseudomonas*-arten der globale Regulator Crc (Collier *et al.*, 1996) oder das Alarmon (p)ppGpp (Sze & Shingler, 1999) beteiligt. Des Weiteren kontrolliert das CbrA-CbrB Zweikomponentensystem hier die Verwertung mehrerer Kohlenstoff- und Stickstoffquellen (Nishijyo *et al.*, 2001).

Für das β -Proteobakterium *Acidovorax* sp. KKS102 (früher *Pseudomonas*) konnte bezüglich der Katabolitkontrolle der Gene für die Degradation von (polychlorierten) Biphenylen durch organische Säuren ebenfalls die Beteiligung eines Zweikomponentensystems, bestehend aus der Histidin-Kinase BphP und dem Response Regulator BphQ, nachgewiesen werden (Ohtsubo *et al.*, 2006). Da sich für *bphQ* in einer Vielzahl anderer β -Proteobakterien Homologe in einer konservierten Genorganisation finden ließen, wurde von Ohtsubo *et al.* (2006) postuliert, dass BphQ-Homologe innerhalb der Gruppe der β -Proteobakterien die Regulatoren der Katabolitkontrolle sind.

Die Vermutung, dass auch *R. eutropha* H16 ein System besitzt, welches als globaler Regulator womöglich abhängig vom Energiestatus der Zellen die Verwertung vorliegender Kohlenstoff- und Energiequellen reguliert, wurde mehrfach in der Literatur geäußert (Höfle, 2005; Lenz & Friedrich, 1998; Römermann *et al.*, 1989; Friedrich, 1982; Friedrich *et al.*, 1981).

4.5.2 GloR und die H₂-basierte Lebensweise

Bei dem zu BphP/Q aus *Acidovorax* sp. KKS102 sequenzähnlichen System in *R. eutropha* handelt es sich um das putative Zweikomponentensystem GloS/R. Der Response Regulator GloR zeigte sich in der 2D-Gel-basierten Proteomstudie von Schwartz *et al.* (2009) verglichen zum Wachstum auf Succinat unter Hydrogenase-dereprimierenden Bedingungen mit H₂/CO₂ sowie auch auf Glycerin als Kohlenstoff- und Energiequelle vierfach hochreguliert.

Durch Schubert *et al.* (2007) wurde GloR bei der Reinigung einer Vorstufe der kleinen MBH-Untereinheit (präHoxK) aus Zellen, die ebenfalls unter heterotrophen

Hydrogenase-dereprimierenden Bedingungen angezogen wurden, coeluiert. Diese Coelution ließ anfänglich eine funktionelle Bindung der beiden Komponenten vermuten. Ein entsprechendes Heterodimer konnte jedoch in Reinigungsversuchen nicht nachgewiesen werden (Drescher, 2010). Die Coelution ist möglicherweise auf eine unspezifische Interaktion zweier abundanter Proteine in der Zelle zurückzuführen.

qRT-PCR-Experimente ergaben dreifach und zweifach erhöhte Transkriptmengen von *gloR* bzw. *gloS* in Zellen, die mit H₂/CO₂ statt auf Succinat wuchsen (siehe Abbildung 21). Eine ähnliche Hochregulation konnte auch für die Proteine GloS/R in der Hochdurchsatz-Proteomstudie (siehe 3.1.13) verzeichnet werden. Diese Beobachtung lässt eine vorwiegend transkriptionale Regulation der Expression der Gene des Zweikomponentensystems vermuten. Ein Hinweis dafür, dass dabei der Response Regulator selbst als Aktivator seiner eigenen Genexpression und die des vermutlich cotranskribierten Histidin-Kinase-Gens fungiert, geben die in einer Response-Regulator-Deletionsmutante ($\Delta gloR$) auf die Hälfte verringerten Transkriptmengen des Histidin-Kinase-Gens *gloS* verglichen zum Wildtyp (siehe Abbildung 21). Positive Autoregulationen sind nicht ungewöhnlich und lassen sich auch in anderen Zweikomponentensystemen finden (Mitrophanov & Groisman, 2008; Kočan *et al.*, 2006; Kato *et al.*, 1999).

In dem Wildtypstamm H16 ist die Expression des MBH- und SH-Operons H₂-unabhängig und unterliegt vermutlich alleinig einer globalen Energiekontrolle (Lenz & Friedrich, 1998; Friedrich, 1982). Die Deletion des Response Regulators wirkte sich im Vergleich zum Wildtyp negativ auf das lithoautotrophe Wachstum sowie die Transkript- und Proteinmenge der SH- und MBH-Untereinheiten als auch, im Falle der SH, auf die spezifische Hydrogenaseaktivität aus. Auf Succinat konnte hingegen kein Wachstumsdefizit festgestellt werden. Das Zweikomponentensystem könnte damit Teil eines regulatorischen Netzwerkes sein, das in Antwort auf den Energiestatus der Zellen zusammen mit HoxA und σ^{54} (RpoN) als Transkriptionsfaktoren die Expression des MBH- und SH-Operons in *R. eutropha* positiv beeinflusst.

4.5.3 Die duale Kontrolle des *frc*- und *nag*-Operons

Wie auch beim lithoautotrophen Wachstum deckten die Untersuchungen zum heterotrophen Stoffwechsel und speziell zur Verwertung von Substraten, die über den Entner-Doudoroff-Weg abgebaut werden, einen markanten Phänotyp von $\Delta gloR$ auf: Hier konnte die Mutante weder auf Fructose noch auf *N*-Acetylglucosamin wachsen. GloR zeigte sich damit als essentiell bei der Verwertung der beiden Substrate.

Die Gene des Fructosetransports *frcACB* und die der ersten drei Schritte der Fructoseverwertung über den Entner-Doudoroff-Weg (*zwf2*, *pgi2* und *frcK*) liegen im Genom geclustert vor (Pohlmann *et al.*, 2006). Sie bilden vermutlich mit *frcR* als erstes und *frcK* als letztes Gen ein Operon (siehe dazu).

In der Response-Regulator-Mutante konnten keine Transkripte von *frcR*, *frcA* oder *frcK* nachgewiesen werden. Es ist daher anzunehmen, dass auch die restlichen in dem Cluster liegenden Gene für die ATPase- und Permeasekomponente des ABC-Transporters (*frcC* und *frcB*) sowie für die Glucose-6-Phosphat-Isomerase (*pgi2*) und Glucose-6-Phosphat-1-Dehydrogenase (*zwf2*) in der *gloR*-Mutante nicht exprimiert werden. Eine Kompensation der fehlenden Isomerase- und Dehydrogenasefunktion wäre jedoch theoretisch durch Pgi1 bzw. Zwf1 oder Zwf3 denkbar.

Diese Vermutung wird durch Untersuchungen von Kusian *et al.* (2009) gestützt, nach denen *zwf2*- und *pgi2*-Deletionsmutanten von *R. eutropha* lediglich ein reduziertes und nicht vollständig inhibiertes Wachstum auf Fructose aufwiesen. Für den Fructose-spezifischen Transporter und die Fructokinase als erstes Enzym des Fructose-Abbaus hingegen stehen keine weiteren Kopien im Genom zur Verfügung. Entsprechend konnte auch eine *frcACB*-Deletionsmutante nicht auf Fructose wachsen (Kaddor & Steinbüchel, 2011). Die Fructoseverwertung in der *gloR*-Mutante wird vermutlich an diesen Punkten blockiert, woraus der Phänotyp der Mutante herrührt, nicht auf Fructose wachsen zu können.

Die Regulation der Gene zur Fructoseverwertung war bereits Untersuchungsgegenstand der Dissertationsarbeit von Caroline Höfle aus dem Jahr 2005. FrcR wurde darin als Repressor des *frc*-Operons und Fructose als Induktor von FrcR postuliert. Interessanterweise führte das Wachstum einer *frcR*-Deletionsmutante auf den favorisiert verwerteten Substraten Pyruvat, Succinat und Gluconat in den Versuchen von Caroline Höfle zu keiner vollständigen Derepression des *frc*-Operons. Aus dieser Beobachtung wurde die Anwesenheit von mindestens einem weiteren Transkriptionsregulator, der die Expression des *frc*-Operons in Abhängigkeit von der Präsenz bevorzugter Substrate kontrolliert, geschlussfolgert (Höfle, 2005).

FrcR ist ein Transkriptionsregulator mit Ähnlichkeit zu Regulatoren der Repressor-ORF-Kinase (ROK)-Familie (Conejo *et al.*, 2010; Titgemeyer *et al.*, 1994). Sowohl in *E. coli* als auch in *B. subtilis* finden sich Beispiele, in denen ein ROK-Regulator gemeinsam mit einem globalen Regulator der Katabolitrepression an der Kontrolle kataboler Gene beteiligt ist. In *E. coli* gehören NagC und Mlc der ROK-Familie an. Gemeinsam mit CRP sind sie an der Kontrolle der Gene für den Abbau von Chitobiose

und *N*-Acetylglucosamin sowie des Glucose- und Mannose-spezifischen PTS involviert (Schiefner *et al.*, 2005; Nam *et al.*, 2001; Plumbridge, 1995). In *B. subtilis* unterliegt die Expression der Gene für die Verwertung von Xylose der Kontrolle durch den ROK-Regulator XylR sowie dem globalen Transkriptionsregulator der Katabolitkontrolle CcpA, wobei Xylose der Induktor von XylR ist (Pedrinelli *et al.*, 2004; Rodionov *et al.*, 2001; Dahl *et al.*, 1995). Entsprechend könnte auch für die Expression des *frc*-Operons in *R. eutropha* eine duale Kontrolle postuliert werden, in der (I) FrcR die Expression solange reprimiert, bis Fructose zur Verfügung steht, und (II) GloR im Zuge einer Katabolitkontrolle die *frc*-Genexpression aktiviert, insofern kein bevorzugtes Substrat präsent ist.

Experimentelle Hinweise für eine DNA-Bindung von GloR vor den *frc*-Genen konnten durch die Arbeitsgruppe um Prof. B. Bowien an der Georg-August-Universität Göttingen gefunden werden (unveröffentlichte Ergebnisse, persönliche Mitteilung durch Dr. B. Kusian). Versuche der Arbeitsgruppe um Prof. B. Friedrich (Humboldt-Universität zu Berlin), dieses Ergebnis zu verifizieren, blieben jedoch bislang erfolglos (Drescher, 2010). Gestützt werden die experimentellen Hinweise einer GloR-Bindestelle vor dem *frc*-Operon und damit die These der direkten GloR-basierten Kontrolle der *frc*-Gene durch die Ergebnisse der *In-silico*-Analyse der *frc*-Stromaufwärtsregion (siehe Abschnitt 3.3.10), wonach sich hier ein ähnliches Motiv zur Regulatorsequenz von BphQ aus *Acidovorax* sp. KKS102 identifizieren ließ. Da die DNA-Bindedomänen von GloR und BphQ 100% Identität aufweisen, liegt die Vermutung nahe, dass es sich dabei um eine Bindesequenz für GloR handelt.

Dass GloR noch weitere Gene, die für Enzyme des Entner-Doudoroff-Wegs codieren, kontrolliert, legt das beobachtete Wachstumsdefizit der *gloR*-Mutante auf *N*-Acetylglucosamin nahe. Die Gene der *N*-Acetylglucosamin-Verwertung liegen geclustert auf Chromosom 1 (Raberg *et al.*, 2012). Sie codieren einen PTS-Transporter (NagFEC), eine *N*-Acetylglucosamin-6-Phosphat-Deacetylase (NagA) und eine Glucosamin-6-Phosphat-Deaminase (NagB). Ihre Biosynthese gewährleistet den Import und die Umsetzung von *N*-Acetylglucosamin bis hin zum Fructose-6-phosphat (siehe). Das letzte Gen des Clusters ist *zwf1*. Es codiert eine Glucose-6-Phosphat-1-Dehydrogenase, die die Umwandlung von Glucose-6-phosphat in 6-Phosphogluconolacton bewerkstelligt. Um aus Fructose-6-phosphat, dem Produkt der durch NagB katalysierten Reaktion, Glucose-6-phosphat zu erhalten, bedarf es einer Glucose-6-Phosphat-Isomerase (Pgi). Ein entsprechendes Enzym liegt nicht im Cluster codiert vor. Stromaufwärts und in entgegengesetzter Richtung des *nag*-Clusters liegt der

zur GntR-Familie von Transkriptionsregulatoren gehörende putative Transkriptionsrepressor H16_A0310 (NagR) (Raberg *et al.*, 2011).

Bezüglich der Expression des *nag*-Clusters wurden in dieser Arbeit keine Transkriptanalysen durchgeführt. Eine spezifische Kontrolle der im *nag*-Cluster vorliegenden Gene durch GloR liegt jedoch dahingehend nahe, da (I) das Wachstum von Δ *gloR* auf Gluconat, das auf Höhe des 6-Phosphogluconats in den Entner-Doudoroff-Weg eingeschleust wird, nicht beeinflusst war und (II) vor dem *nag*-Cluster ein potentielles DNA-Bindemotiv für GloR gefunden werden konnte. Analog zum *frc*-Operon lässt sich daher auch für die Expression der *nag*-Gene (*nagFECAB-zwf1*) eine duale Kontrolle durch den Transkriptionsrepressor NagR und GloR als Transkriptionsaktivator postulieren.

4.5.4 GloR als globaler Regulator der Verwertung alternativer Kohlenstoff- und Energiequellen

Die bisher diskutierten Ergebnisse legen nahe, dass das Zweikomponentensystem GloS/R an der transkriptionalen Regulation der Expression der Gene der Fructose- und *N*-Acetylglucosamin-Verwertung beteiligt ist sowie einen Einfluss auf die Bildung der Schlüsselenzyme des lithotrophen Stoffwechsels hat. Für die Verwertung des von *R. eutropha* bevorzugten Substrats Succinat scheint keine Relevanz seitens des Zweikomponentensystems auszugehen.

Die vier Substrate Glutamat, Glutamin, Histidin und Prolin werden zu α -Ketoglutarat abgebaut. Die Deletion von *gloR* wirkte sich auf die Verwertung der vier Aminosäuren unterschiedlich aus. Wohingegen das Wachstum auf Glutamat und Glutamin, die generell als bevorzugte Substrate gelten, keine signifikante Änderung erfuhr, war das Wachstum auf Histidin und Prolin deutlich reduziert. Interessanterweise zeigte Δ *gloR* beim Glycerin-basierten Wachstum höhere Wachstumsraten als der Wildtyp. Im Folgenden sollen mögliche Gründe der Wachstumseffekte der *gloR*-Mutante auf den Substraten Histidin, Prolin und Glycerin erörtert werden.

Histidin Die qRT-PCR-Analyse zur Untersuchung der Expression der für den Abbau von Histidin verantwortlichen Gene *hutH* und *hutU1* zeigte deutlich verringerte Transkriptmengen in der *gloR*-Mutante verglichen zum Wildtyp (siehe 3.3.6). Ebenso zeigte das Gen für die periplasmatische Komponente eines ABC-Transportsystems, das unmittelbar stromabwärts des *hut*-Operons liegt, eine geringere Transkriptmenge. Das gemeinsame Expressionsprofil ist ein Hinweis für die Cotranskription dieser Gene und

damit für eine Funktion des ABC-Transporters beim Histidin-Import im Zuge der Histidin-Verwertung. Ebenso liegt in *Sinorhizobium meliloti*, einem gram-negativen Bodenbakterium, das für Histidin und Prolin hoch affine ABC-Transportsystem HutXWV unmittelbar neben dem *hut*-Operon codiert vor und eine gemeinsame Transkription wurde postuliert (Boncompagni *et al.*, 2000).

Die Suche eines entsprechenden Motivs für GloR als Transkriptionsfaktor vor dem *hut*-Operon ergab im Zuge der DNA-Matrix-Suche keinen Treffer. Der Response Regulator scheint daher nicht direkt an der Regulierung der Gene des *hut*-Operons beteiligt zu sein. In *R. eutropha* findet sich indes noch ein zweiter Histidin-Transporter, das ABC-Transportsystem HisJMP. Im Gegensatz zu den gut untersuchten Systemen in *E. coli* und *Salmonella typhimurium* (Caldara *et al.*, 2007) findet sich stromaufwärts von *hisJMP* in *R. eutropha* das Gen für einen transkriptionalen Regulator der IclR-Familie, *h16_A0048*. Der durchgeführten *In-silico*-Analyse nach (siehe 3.3.10) liegt vor *h16_A0048* eine potentielle GloR-Bindesequenz. Ob *h16_A0048*, wie durch die Operon-Vorhersage von Price *et al.* (2005) postuliert, zusammen mit *hisJMP* transkribiert wird und damit die Möglichkeit besteht, dass GloR die Histidinverwertung durch Kontrolle der Biosynthese des HisJMP-ABC-Transporters reguliert, bleibt offen.

Für die Expression des *hut*-Operons in *R. eutropha* gilt Urocanat, das erste Zwischenprodukt des Histidinabbaus, als Induktor (Schlesier & Friedrich, 1982b). Eine Regulation durch Ammonium, wie bei Pseudomonaden beschrieben, konnte nicht nachgewiesen werden. Indes scheint Ammonium an der Kontrolle des Histidin-Transports beteiligt zu sein (Bender, 2012; Schlesier & Friedrich, 1982b). Im Gegensatz zur starken Repression der Histidase-Genexpression unter Knallgas-Bedingungen, führen Succinat und Pyruvat lediglich zu einer schwachen katabolen Kontrolle (Schlesier & Friedrich, 1982a, 1982b).

Der molekulare Regulationsmechanismus ist nicht bekannt, wird aber als separat zur Induktion der *hut*-Expression durch Urocanat postuliert (Schlesier & Friedrich, 1982a). Zudem wurde angenommen, dass die Repression durch H₂ (H₂-Effekt) und Pyruvat auf unterschiedliche molekulare Mechanismen zurückzuführen ist, da eine Mutante, die nicht in der Lage war, CO₂ zu fixieren, zwar noch eine Pyruvat- jedoch keine H₂-vermittelte Repression aufwies (Schlesier & Friedrich, 1982b).

Die Deletion von GloR führte nicht zur Beeinträchtigung der H₂-vermittelten Repression der Histidin-Verwertung (H₂-Effekt). Da GloR vermutlich als Transkriptionsaktivator fungieren kann und dieser bei der Repression inaktiv sein sollte, lassen sich aus dieser Beobachtung keine weiteren Rückschlüsse auf eine

Funktion von GloR bei der H₂-vermittelten Repression der Histidin-Verwertung ziehen. Auf welche Art und Weise GloR an der komplexen Kontrolle der Histidin-Verwertung eine Rolle spielt, kann anhand der vorliegenden Daten nicht weiter eingegrenzt werden.

Prolin Auch bei der Verwertung von Prolin offenbarte $\Delta gloR$ ein Wachstumsdefizit, das jedoch nicht so stark ausfiel wie auf Histidin. Prolin wird in *R. eutropha* in einem Vierelektronenschritt direkt zu Glutamat umgesetzt. Katalysiert wird diese Reaktion durch das bifunktionelle Enzym PutA (H16_A3631), welches sowohl die Aktivität einer Pyrrolin-5-carboxylat-Reduktase als auch einer Pyrrolin-5-carboxylat-Dehydrogenase besitzt. Zudem steht dem Organismus mit ProC für die Reduktion von Prolin zu Pyrrolin-5-carboxylat ein zweites Enzym zur Verfügung.

Interessanterweise führte die *In-silico*-Suche nach einer potentiellen GloR-Bindestelle zu zwei Treffern vor *proS*: (I) an Position -104 mit einer Stringenz von 86 % und (II) an Position -26 mit einer Stringenz von 98 %. *proS* codiert als einziges Gen in *R. eutropha* für eine Prolyl-tRNA-Synthetase und gehört damit zu den Haushaltsfunktionen der Zelle.

Nach der Operon-Vorhersage nach Price *et al.* (2005) bildet *proS* eine transkriptionale Einheit mit den Genen *h16_A3245* und *phy*, die für eine lytische Glykosylase bzw. das Protein Phy mit einer Domäne ähnlich zur α -Untereinheit von Prolyl-4-Hydroxylasen (H16_A3244) codieren. Lytische Glykosylasen erfüllen als bakterielle Autolysine wichtige Funktionen im Zellwachstum und in der Zellteilung. Sie spalten die glykosidischen Bindungen der Zellwand und ermöglichen dadurch die Integration von Proteinkomplexen wie Flagellen und Pili (Scheurwater *et al.*, 2008). Prolyl-4-Hydroxylasen zählen zu den nicht-Häm-abhängigen Dioxygenasen, deren Cosubstrate α -Ketoglutarat, O₂ und Fe(II)-Ionen sind (Kivirikko *et al.*, 1989). Sie katalysieren in Eukaryoten die Hydroxylierung von Prolyl-Resten in *trans*-4-Position und sind damit maßgeblich am Kollagenaufbau der Haut beteiligt (Myllyharju, 2003). In Bakterien erfolgt auch die Hydroxylierung von freiem Prolin. Über diese Funktion ist jedoch bislang nur wenig bekannt. Die Prolyl-4-Hydroxylase soll hier z.B. an der Biosynthese des Antibiotikums Etamycin (Lawrence *et al.*, 1996) sowie als Masterregulator an der Antwort auf anoxische Bedingungen beteiligt sein (Myllyharju, 2013). Inwieweit GloR hier in der Prolin-Verwertung eingreifen könnte, bleibt unklar.

Aufgrund der Untersuchungsbefunde von Cathleen Drescher (2010), nach denen die *putA*-Transkriptmengen in $\Delta gloR$ beim Wachstum auf Prolin als Stickstoffquelle deutlich reduziert vorlagen, wurde eine manuelle Suche nach einer potentiellen GloR-Bindestelle vor *putA* durchgeführt. Im Abstand von 141 bp fand sich die Sequenz

5'-GGGTTTTCGATAG-3', die in 10 von 13 bp mit der Regulatorsequenz von BphQ aus *Acidovorax* sp. KKS102 übereinstimmt.

Neben der katabolen Funktion als Pyrrolin-5-carboxylat-Reduktase/Pyrrolin-5-carboxylat-Dehydrogenase besitzt PutA auch eine regulatorische. So bindet PutA in Abwesenheit von Prolin an die DNA und reprimiert seine eigene Genexpression (Ostrovsky de Spicer & Maloy, 1993; Ostrovsky de Spicer *et al.*, 1991). In Enterobakterien unterliegt die *putA*-Expression zudem einer Katabolit- sowie Stickstoff-Kontrolle (Chen & Maloy, 1991). Letztere geht auf die regulierende Wirkung des Proteins Nac (*nitrogen assimilation control*) zurück, dass eine Aktivierung σ^{70} -abhängiger Promotoren durch das allgemeine Stickstoffkontrollsystem NtrB/NtrC bewirkt (Muse & Bender, 1998; Bender, 1991). Dass in *R. eutropha* auch GloR bei der Verwertung von Prolin als Stickstoffquelle von Relevanz ist, lässt das reduzierte Wachstum der *gloR*-Deletionsmutante vermuten (Drescher, 2010).

Glycerin Die Kultivierung von *ΔgloR* mit Glycerin als Kohlenstoff- und Energiequelle führte zu höheren optischen Dichten der Zellsuspension als beim Wildtyp. Dies war verglichen mit den Anzuchten auf den anderen getesteten Substraten eine ungewöhnliche phänotypische Erscheinung, wurde jedoch auch in den Untersuchungen von Cathleen Drescher (2010) beobachtet. Hinweise, dass der Response Regulator beim Leben mit Glycerin von Bedeutung ist, lieferte bereits die 2D-Gel-basierte Proteomanalyse von Schwartz *et al.* (2009), nach der im Vergleich zum Wachstum auf Succinat, auf Glycerin eine ähnliche Hochregulation (9-fach) des Response Regulators zu verzeichnen war wie unter lithoautotrophen Bedingungen (8-fach).

Bereits seit den Pionierarbeiten zur Speicherstoffbildung in *R. eutropha* durch Schlegel *et al.* (1961) sowie Wilde (1962) ist bekannt, dass die Synthese und Speicherung von PHB als starker Lichtbrecher die optische Dichte der Zellkulturen erhöht. Daher ist es denkbar, dass eine verstärkte PHB-Einlagerung die erhöhten Extinktionswerte der *ΔgloR*-Zellsuspension zur Folge hatte. Damit stellt sich die Frage, ob der Response Regulator an der Regulation der Gene des PHB-Stoffwechsels beteiligt ist. Tatsächlich fand sich in der *In-silico*-Analyse in Abschnitt 3.3.10 eine potentielle Bindestelle vor *phaB1*, dem Gen der β -Ketoacyl-CoA-Reduktase, die den zweiten Schritt der PHB-Biosynthese, bei dem Acetoacetyl-CoA zu R-3-Hydroxybutyryl-CoA umgesetzt wird, katalysiert. *phaB1* liegt als letztes Gen im *phaC1AB1*-Operon vor (Schubert *et al.*, 1991; Peoples & Sinskey, 1989). Wohingegen das Gen der PHA-Synthase *phaC* essentiell für die PHB-Biosynthese ist, finden sich im Genom von *R. eutropha* jedoch insgesamt 39 *phaB*-

Homologe (Peplinski *et al.*, 2010; Reinecke & Steinbüchel, 2009). Neben PhaB1 ist beispielsweise unter Stickstoffmangel das Isoenzym PhaB3 an der PHB-Biosynthese beteiligt (Budde *et al.*, 2010). Für die Expression von *phaC* wurde nachgewiesen, dass die Enzyme der PHB-Biosynthese nicht transkriptional reguliert werden (Gerngross *et al.*, 1994; Haywood *et al.*, 1989). Vielmehr findet die Regulation des PHB-Aufbaus auf enzymatischer Ebene durch die Konzentration an Acetyl-CoA und NADPH als Ausgangsmetabolite der PHB-Biosynthese statt (Pfeiffer & Jendrossek, 2014; Jackson & Dawes, 1976). Diese Überlegungen als auch das Ausbleiben der für die PHB-Anreicherung typischen Weißfärbung (Schlegel *et al.*, 1961a) sprechen für eine OD-Wertzunahme als Folge des Zellwachstums, bei der der Response Regulator kontrollierend auf die Glycerin-Verwertung wirkt.

Glycerin ist ein kleines, ungeladenes Molekül, welches durch passive Diffusion in die Zelle gelangt. Bei geringeren Glycerinkonzentrationen erfolgt die Aufnahme über die erleichterte Diffusion mit Hilfe des transmembranen Glycerin-Kanals GlpF (Heller *et al.*, 1980). Die beiden Enzyme Glycerin-Kinase und Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase katalysieren die anschließende Phosphorylierung bzw. Dehydrogenierung zu Dihydroxyacetonphosphat (Voegelé *et al.*, 1993; Schweizer & Larson, 1987), welches im zentralen Stoffwechsel über Pyruvat zu Acetyl-CoA, dem Ausgangsstoff des TCA-Zyklus und der PHB-Biosynthese, umgesetzt wird.

In *R. eutropha* liegt die genetische Information sowohl für GlpF (*h16_A3690*) als auch für zwei Glycerin-Kinasen (*h16_A2507*, *h16_B1199*) und zwei Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenasen (*h16_A2508*, *h16_B1198*) vor (Pohlmann *et al.*, 2006). Des Weiteren finden sich im Genom ein Gencluster (*h16_A2498* – *2500*) mit hoher Ähnlichkeit zum *glp*-Operon des Glycerin-ABC-Transporters aus *Rhizobium leguminosarum* (Ding *et al.*, 2012) sowie die Gene für diverse Transporter der *Major-Facilitator*-Superfamilie (MFS) (Law *et al.*, 2008), die bislang funktionell nicht näher charakterisiert sind und somit auch bei der Glycerinaufnahme beteiligt sein könnten. Vor einem dieser MFS-Transportergene, *h16_B1200*, wurde in der DNA-Matrix-Suche in Kapitel 3.3.10 die potentielle GloR-Bindestelle 5'-GGGTTTCCCGGT-3' (siehe Tabelle 7) lokalisiert. *h16_B1200* liegt vermutlich in einem Operon mit den Genen für die Glycerin-Kinase H16_A1999 und der Glycerin-3-phosphat-Dehydrogenase H16_A1198 (Price *et al.*, 2005). Sollte es sich bei der Sequenz tatsächlich um eine Möglichkeit der Expressionsregulation des Operons durch den Response Regulator handeln, ist aufgrund des verbesserten Wachstums der Δ *gloR*-Mutante auf Glycerin davon auszugehen, dass der Response Regulator hier als Repressor fungiert.

Mit dieser These ließe sich auch erklären, warum die Wachstumsdifferenzen zwischen Mutante und Wildtyp erst mit fortgeschrittener Kultivierungsdauer auftraten. So liegt zu Beginn der Anzucht eine hohe Glycerinkonzentration im Medium vor, die in beiden Stämmen eine einfache Diffusion durch die Zellmembran in die Zelle erlaubt. Mit zunehmendem Glycerinverbrauch nimmt die Diffusionsgeschwindigkeit ab und der Bedarf an Glycerin-spezifischen Transportern steigt. Im Gegensatz zum Wildtyp ist für die *ΔgloR*-Mutante aufgrund der fehlenden repressiven Wirkung durch den Response Regulator eine verstärkte Expression der Gene des MFS-Transporters H16_B1200 sowie der Glycerin-Kinase H16_B1999 und der Glycerinaldehyd-3-phosphat-Dehydrogenase H16_B1998 anzunehmen, was zum beobachteten Wachstumsvorteil führt.

Eine weitere Komponente lässt sich mit dem Import von Glycerin in Verbindung bringen. So finden sich Hinweise, dass das Maltoporin LamB aus *E. coli* (Martínez-Gómez *et al.*, 2012; Death *et al.*, 1993) Glycerin binden kann und durch erleichterte Diffusion die äußere Membran passieren lässt. LamB wird in *R. eutropha* unmittelbar neben dem Gen für GlpF codiert, jedoch in entgegengesetzter Richtung. Auch für *lamB* konnte in der Stromaauwärtssregion eine potentielle GloR-Bindesequenz identifiziert werden.

Ein weiterer Grund für ein verbessertes Wachstum der *gloR*-Mutante auf Glycerin lässt sich aus den folgenden Überlegungen schlussfolgern: Glycerin ist für *R. eutropha* ein schlecht verwertbares Substrat. Dies zeigt sich unter anderem daran, dass beim Wachstum auf Glycerin die Expression der Hydrogenasegene dereprimiert ist (Schwartz *et al.*, 1998; Friedrich *et al.*, 1981). Analog zu den Ergebnissen dieser Arbeit in Abschnitt 3.3.3 konnte Cathleen Drescher in ihrer Diplomarbeit repräsentativ für das Gen der kleinen MBH-Untereinheit *hoxK* und der SH-Untereinheit *hoxF* zeigen, dass beim Wachstum auf Glycerin die Expression des MBH- bzw. SH-Operons in der *ΔgloR*-Mutante auf etwa ein Fünftel des Wildtypniveaus reduziert vorliegt. Die Biosynthese der [NiFe]-Hydrogenasen ist ein energieaufwändiger Prozess, an dem ein komplexer Maturationsapparat mit einer Vielzahl akzessorischer Proteine beteiligt ist (Schwartz *et al.*, 2013). Daher ist anzunehmen, dass eine verringerte Hydrogenase-Genexpression, wie sie vermutlich in der Mutante vorliegt, mit einer energetischen Einsparung und damit einem Wachstumsvorteil gegenüber dem Wildtyp einhergeht.

Unter diesen Gesichtspunkten ist anzunehmen, dass das verbesserte Wachstum der *gloR*-Mutante das Resultat einer Ansammlung von molekularen Effekten ist, die durch den Verlust an GloR ausgelöst werden. Sie unterstreicht den pleiotropen Charakter der *gloR*-Deletion.

4.6 Ausblick

Diese Arbeit stellt unter Einbezug der gezielten Analyse der Membranfraktion einen umfangreichen proteomischen Datensatz von *R. eutropha* beim Wachstum mit unterschiedlichen Elektronendonoren sowie -akzeptoren bereit, der für weitere Fragestellungen hinsichtlich des Stoffwechsels von *R. eutropha* und verwandter Bakterien genutzt werden kann. Die Proteomanalysen deckten das Regulationsprofil zahlreicher Proteine auf, die vermutlich für Prozesse der Energie- und Kohlenstoffbalance im lithoautotrophen Metabolismus sowie beim Wechsel zwischen aeroben und anaeroben Lebensverhältnissen benötigt werden. Umfangreiche weitere Untersuchungen sind erforderlich, um ihre Rolle in *R. eutropha* bzw. die Rolle homologer Proteine in anderen Bakterien genauer zu charakterisieren.

Die Proteomstudien machten beispielsweise auf ein unter H_2/CO_2 hochreguliertes und unter anaeroben Bedingungen runterreguliertes Typ-VI-Proteinsekretionssystem aufmerksam. Erstmals wurde es in Zusammenhang mit der Pathogenität von Bakterien in *V. cholerae* und *P. aeruginosa* beschrieben (Mougous *et al.*, 2006; Pukatzki *et al.*, 2006). Als Virulenzfaktor ist es in gram-negativen Bakterien beim Transport von Proteinen durch die Cytoplasmamembran und die äußere Membran beteiligt (Bingle *et al.*, 2008). Da es auch in nicht-pathogenen Bakterien vorkommt, wurden alternative Funktionen postuliert. Untersuchungen entsprechender Deletionsmutanten deckten in *Acinetobacter baylyi* einen Effekt auf die Koloniebildung der Zellen auf (de Berardinis *et al.*, 2008). Ähnliche Versuche könnten auch Aufschluss über die funktionelle Relevanz in *R. eutropha* aufzeigen.

R. eutropha besitzt vielfältige biotechnologische Anwendungspotentiale. Industriell findet der Organismus bereits Einsatz in der autotrophen Produktion von $^{13}C/^{15}N$ -markiertem Cyanophycin. Im Zuge der heterologen Genexpression ist dazu im Produktionsstamm eine Cyanophycin-Synthetase aus *Synechocystis* sp. Stamm PCC 6308 aktiv (Lütte *et al.*, 2012; Voss & Steinbüchel, 2006). In dieser Arbeit konnte die Bildung zweier dem Organismus eigenen Cyanophycin-Synthetasen nachgewiesen werden. Erste fortführende Untersuchungen durch Adames *et al.* (2013) bestätigten dieses Ergebnis. Entsprechende Aktivitäten wurden jedoch nur in rekombinanten *E.-coli*-Zellen detektiert. Weitere Untersuchungen beispielsweise zur Regulation und Substratspezifität sind nötig, um die Funktion der Enzyme im Cyanophycin-Metabolismus, ihre Relevanz für den *R.-eutropha*-Metabolismus allgemein und eine potentielle biotechnologische Applikation zu eruieren.

R. eutropha ist genetisch sowohl mit den Komponenten des lithoautotrophen Stoffwechsels als auch der Denitrifikation ausgestattet (Römermann *et al.*, 1988). Von besonderem biotechnologischen Interesse wäre die Fähigkeit des Organismus zur chemolithoautotrophen NO_3^- -Atmung. Biotechnologische Anwendungspotentiale bestehen bei der industriellen Produktion von biologisch abbaubarem Kunststoff in Form von Polyhydroxyalkanoaten (PHA), bei der durch Kultivierung von *R. eutropha* H16 Ausbeuten über 90 % des Zelltrockengewichtes erreicht werden (Obruca *et al.*, 2014; Aragno *et al.*, 1977). Ein begrenzender Fakt während der industriellen PHA-Produktion unter Knallgas-Bedingungen ist jedoch das Explosionsrisiko beim Umgang mit leicht entzündlichen O_2/H_2 -Gasgemischen. Eine Alternative stellt der Ansatz der chemolithoautotrophen NO_3^- -Atmung dar.

Sicherheitstechnische Vorteile bietet diese Lebensweise auch bei der Inbetriebnahme von autotrophen Denitrifikationsanlagen zur mikrobiellen NO_3^- -Entfernung innerhalb der Trinkwasseraufbereitung (Mousavi *et al.*, 2014). Erste Untersuchungen zum anaeroben Wachstum von *R. eutropha* mit H_2 und CO_2 als einzige Energie- bzw. Kohlenstoffquelle wurden bereits 1973 von Pfitzner & Schlegel durchgeführt. Sie beschrieben die autotrophe NO_3^- -Atmung verglichen mit der aeroben Wasserstoffoxidation als stark reduziert. Neuere Arbeiten von Tiemeyer *et al.* (2007) widmeten sich der Ermittlung kinetischer Wachstumsparameter. Sie zeigten, dass die Wachstumsrate lithoautotroph wachsender Kulturen unter Denitrifikationsbedingungen nur ca. 4 % der Wachstumsrate unter aeroben Bedingungen beträgt. Industrielle Anwendung kann die Technik nur finden, wenn die Wachstumslimitierung überwunden werden kann. Die in dieser Arbeit generierten Daten zum Proteinrepertoire der Zellen bei anaerober und lithoautotropher Lebensweise bieten die Möglichkeit, potentielle Ursachen für das stark eingeschränkte Wachstum von *R. eutropha* zu definieren. Damit könnten Ansatzmöglichkeiten für die genetische Manipulation des Stoffwechsels gefunden werden, um die Wachstumseigenschaften des Organismus zu verbessern.

Die Antwort bei der Suche nach metabolischen Gründen könnte bei der Regulation solcher Enzyme liegen, die beim Wachstum mit $\text{H}_2/\text{CO}_2/\text{O}_2$ und unter anaeroben Bedingungen antagonistisch reguliert vorliegen. Beide Lebensweisen stellen Alternativen zur aeroben Heterotrophie des Organismus dar. Sowohl die Denitrifikation als auch die H_2 -Oxidation werden global durch den alternativen Sigma-Faktor RpoN reguliert (Römermann *et al.*, 1989). Aus der vorliegenden Arbeit geht hervor, dass die Schlüsselenzyme unter denitrifizierenden Bedingungen eine Hochregulation erfahren. Im Gegensatz dazu zeigten die Enzyme der CO_2 -Fixierung eine Runterregulation

verglichen zum aeroben, heterotrophen Wachstum. Dieses Proteinprofil könnte das Unvermögen von *R. eutropha* H16, unter denitrifizierenden Bedingungen chemolithoautotroph wachsen zu können, erklären.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde ein unter lithoautotrophen Bedingungen hochreguliertes Zweikomponentensystem untersucht. Transkriptanalysen mit einer Deletionsmutante des entsprechenden Response Regulators ließen vermuten, dass es sich hierbei um einen Aktivator der Gene der Fructoseverwertung (*frc*) in *R. eutropha* handelt. Eine putative Regulatorbindestelle vor dem *frc*-Operon in Analogie zu der eines homologen Regulators der *bph*-Gene in *Acidovorax* sp. KKS102 konnte *in silico* gefunden werden. Im Hinblick auf das Verständnis zur Wirkweise des Systems wäre ein experimenteller Nachweis der Bindestelle und damit einer direkten Regulationswirkung besonders reizvoll. Die Mutante zeigte weiterhin pleiotrope Effekte bei der Verwertung diverser Kohlenstoff- und Energiequellen. Es ist davon auszugehen, dass neben den Genen des *frc*-Operons die Expression weiterer Gene durch das Zweikomponentensystem reguliert wird. Zur Charakterisierung des Regulons bieten sich DNA-Microarray-Untersuchungen an. Zukünftige Arbeiten zur Untersuchung des Zweikomponentensystems und seiner möglichen Rolle in der Katabolitkontrolle könnten sich zudem der Frage nach der Art des durch die Histidin-Kinase sensierten Signals sowie grundsätzlich der Signalsensierung und -weiterleitung widmen.

Die Ergebnisse dieser Arbeit und fortführender Untersuchungen zum Response Regulator und der dazugehörigen Histidin-Kinase bergen das Potential, maßgeblich zum weiteren Verständnis des Metabolismus von *R. eutropha* beizutragen und damit Anhaltspunkte für den effizienten Einsatz des Organismus in der Biotechnologie zu liefern. So könnten die gewonnenen Erkenntnisse beispielsweise bei der Konstruktion geeigneter Produktionsstämme für die industrielle Gewinnung von PHB in Glycerin-basierten Anzuchten Anwendung finden. Glycerin entsteht in großen Mengen als Nebenprodukt bei der Biodieselherstellung und hat sich im Zuge der stetigen Nachfrage an erneuerbaren Energien in den letzten Jahren als preiswertes und damit attraktives Ausgangsprodukt der Industrie entwickelt. In diesem Zusammenhang ist die mikrobielle PHB-Produktion mit Glycerin als Kohlenstoff- und Energiequelle aktueller Gegenstand intensiver Forschung (Fukui *et al.*, 2014; Kalaiyezhini & Ramachandran, 2014; Phukon *et al.*, 2014; Zhu *et al.*, 2013; Cavaleiro *et al.*, 2012; Zhu *et al.*, 2010), wobei dem Potential von *R. eutropha* aufgrund der vergleichsweise geringen Wachstumsraten auf Glycerin ein bislang eher geringes Interesse beigemessen wurde (Fukui *et al.*, 2014; Tanadchangsang & Yu, 2012; Kaddor & Steinbüchel, 2011).

5. Anhang

5.1 Abbildungen

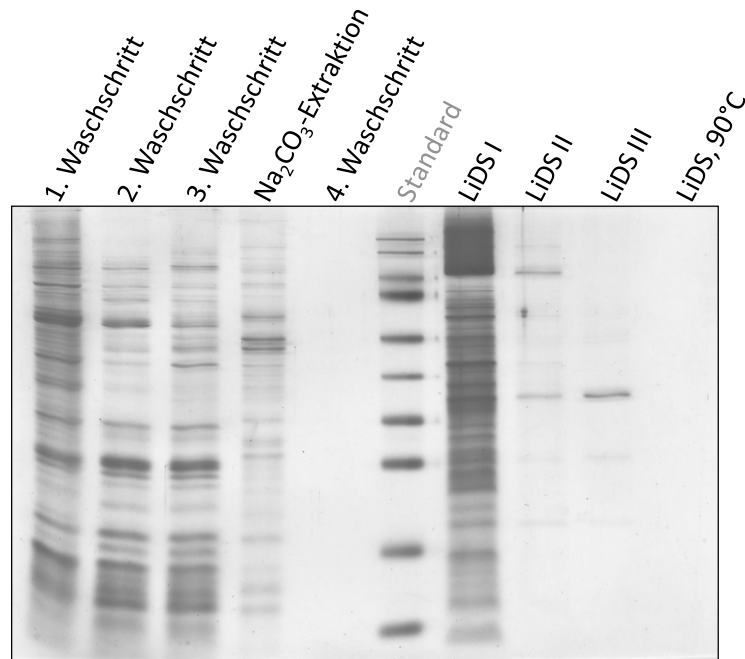


Abbildung 36 Gewinnung der Membranfraktion. Die durch Ultrazentrifugation pelletierte Membran wurde dreimal in Phosphat-Puffer gewaschen, einer Natriumcarbonat-Extraktion unterzogen, erneut in Phosphat-Puffer gewaschen und viermal mit Lithiumdodecylsulfat-Lösung behandelt, wobei im letzten Solubilisierungsschritt die Probe fünf Minuten im Wasserbad bei 90 °C inkubiert wurde. Die im Zuge einer Membranpräparation gewonnenen Überstände wurden im SDS-Gel aufgetrennt. Das abgebildete SDS-Gel ist repräsentativ für alle in dieser Studie durchgeführten Membranpräparationen und zeigt, dass (I) die Natriumcarbonat-Extraktion eine effektive Abreicherung cytoplasmatischer und leicht assoziierter Proteine von der Membran ermöglichte und (II) Lithiumdodecylsulfat sich bereits im ersten Solubilisierungsschritt als wirkungsvolles Detergens zur Solubilisierung von Proteinen der Membran erwies. Der Überstand der ersten Solubilisierung (LiDS I) wurde als Membranfraktion deklariert und für die weitere Analyse mittels LCMS/MS herangezogen.

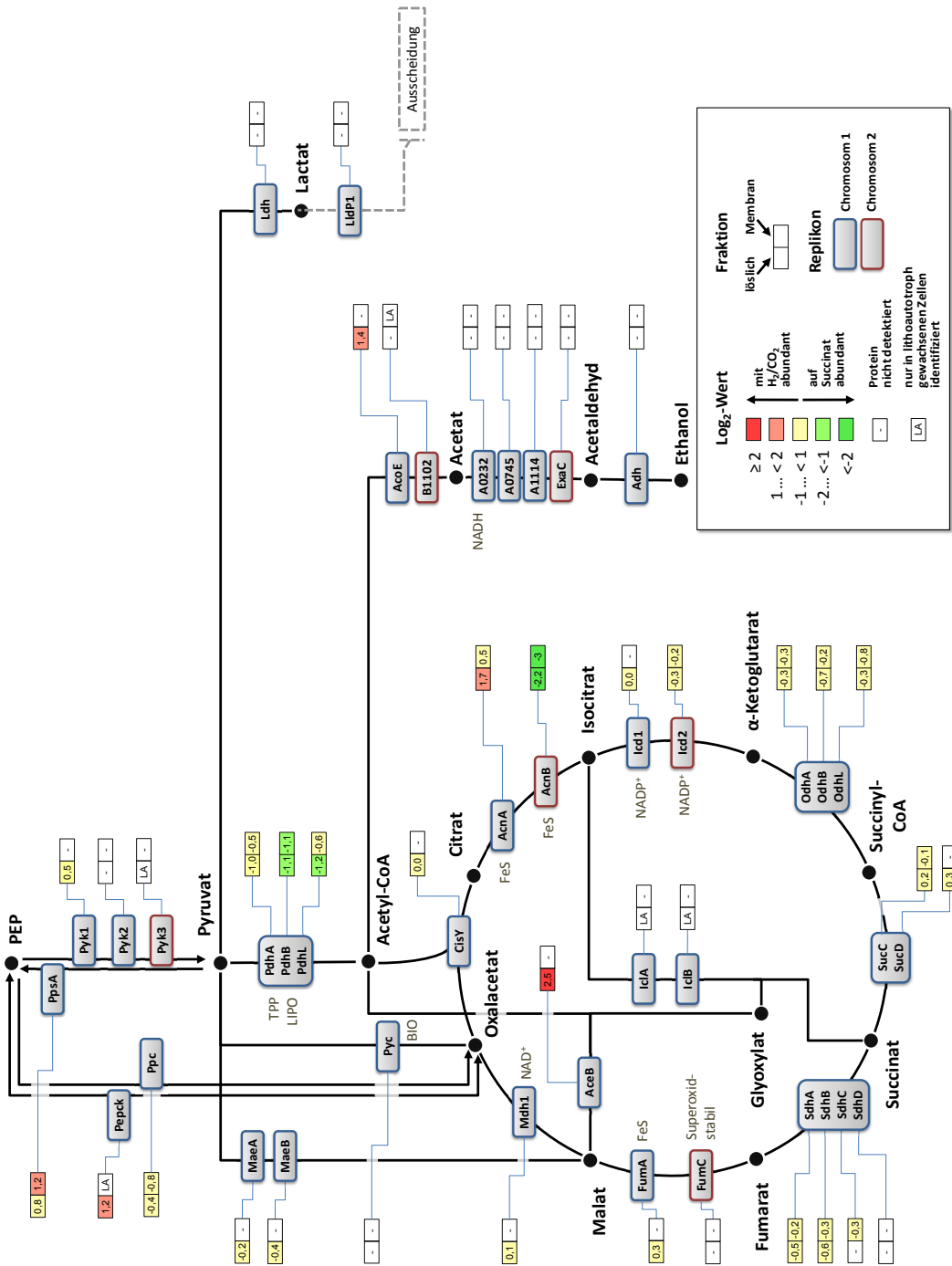
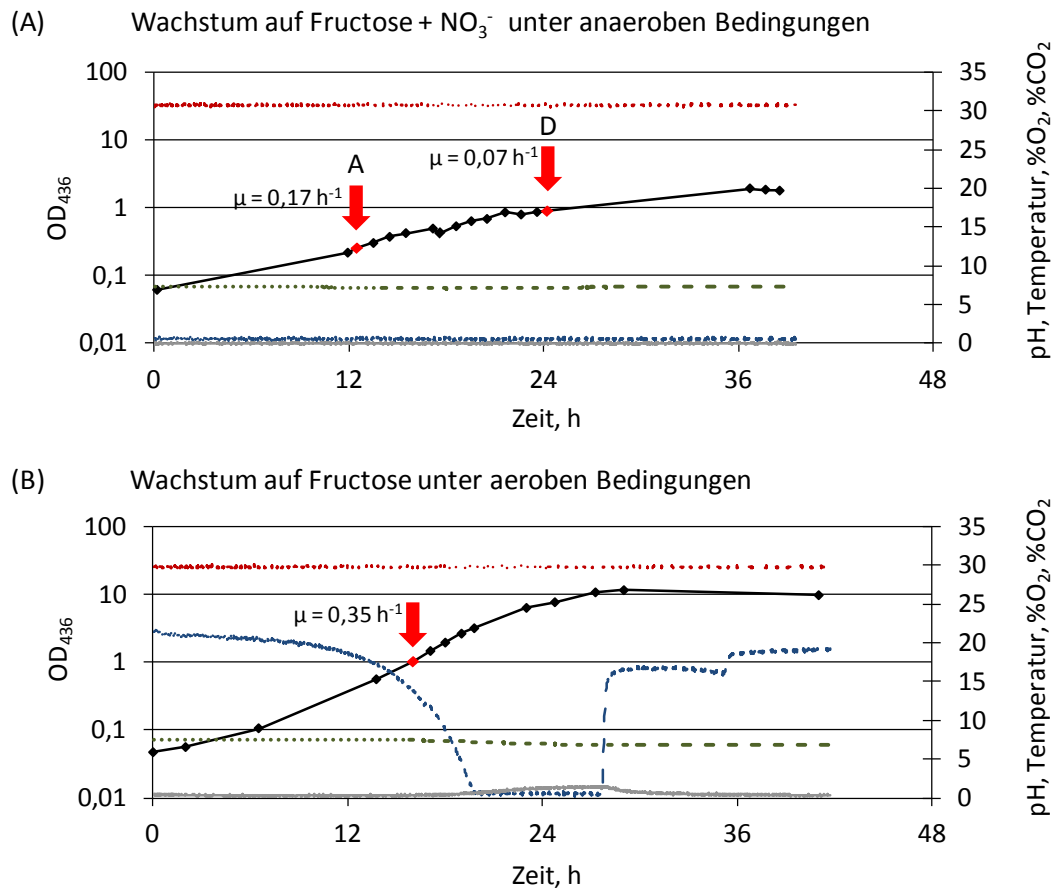


Abbildung 37 Expressionsprofil der Enzyme des zentralen Kohlenstoffmetabolismus von *R. eutropha* H16 beim Vergleich der lithoautotrophen Lebensweise mit H₂/CO₂ und heterotrophen Lebensweise auf Succinat. Beteiligte Cofaktoren: LIPO – proteingebundenes Liponamid, BIO – Biotin, TPP – Thiaminpyrophosphat. Abbildung in Anlehnung an die Arbeiten von Kohlmann *et al.* (2014) und Crooks *et al.* (2004) erstellt.



Legende:

— OD_{436} , --- Temperatur ($^{\circ}\text{C}$), pH-Wert, — CO_2 -Konzentration (%), O_2 -Konzentration (%)

Abbildung 38 Wachstumskurven einer anaeroben und aeroben Anzucht von *R. eutropha* H16. Die Zellen wurden (A) anaerob mit Fructose + NO_3^- sowie (B) aerob nur mit Fructose angezogen. Dazu wurde das Medium auf eine Anfangs- OD_{436} von 0,05 angeimpft. Angeimpft wurde mit exponentiell auf Fructose gewachsenen Zellen einer aeroben Anzucht. Die roten Pfeile kennzeichnen die Zeitpunkte der Probenentnahme. Die Wachstumsraten μ zu den Erntezeitpunkten sind den Pfeilen zugeordnet.

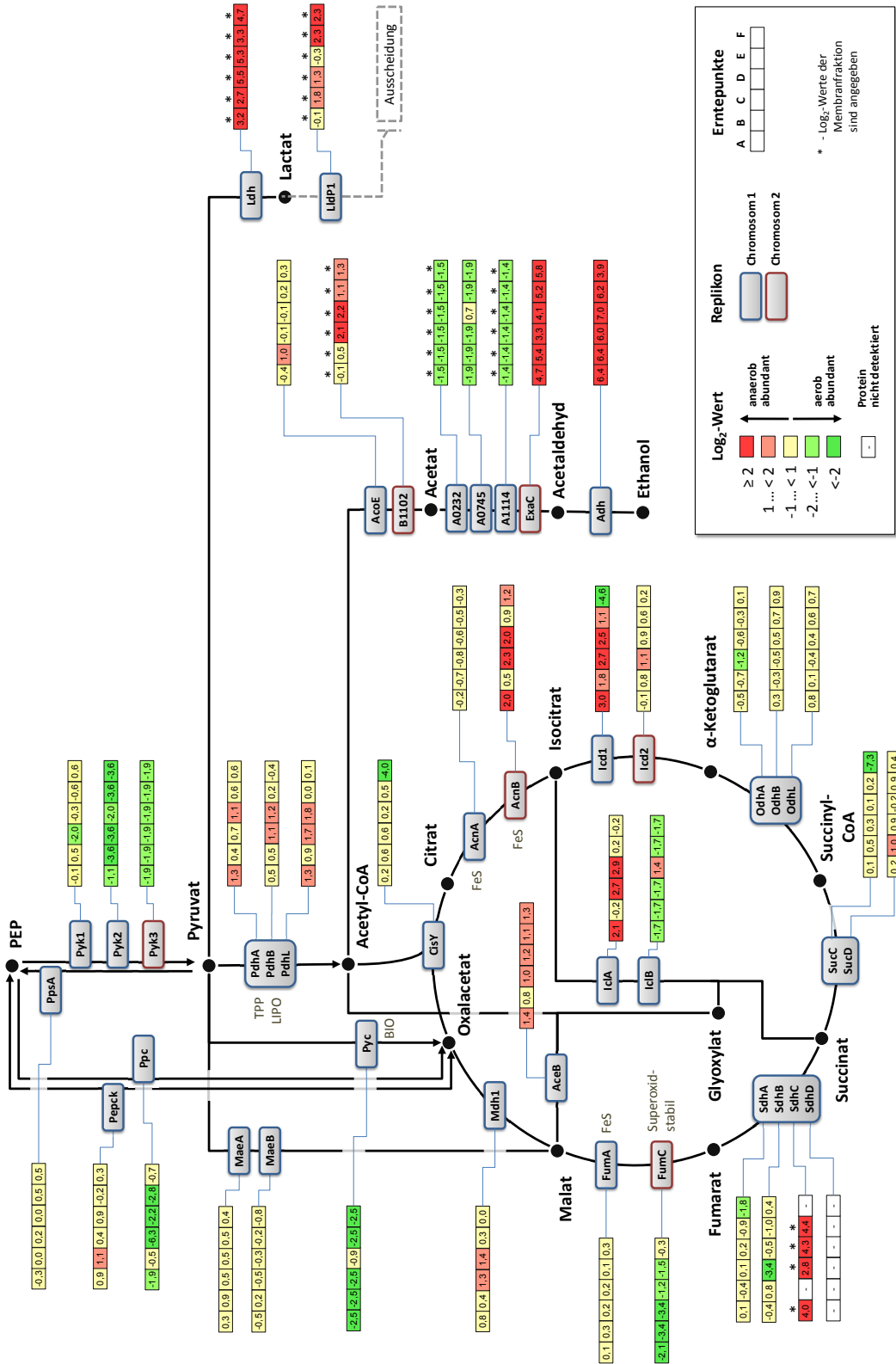


Abbildung 39 Expressionsprofil der Enzyme des zentralen Kohlenstoffmetabolismus von *R. eutropha* H16 beim Vergleich der aeroben mit der auf NO₃⁻-Atmung basierenden anaeroben Lebensweise. Beteiligte Cofaktoren: Lipo – proteingebundenes Liponamid, Bio – Biotin, TPP – Thiaminpyrophosphat, Abbildung in Anlehnung an die Arbeiten von Kohlmann *et al.* (2014) und Römermann & Friedrich (1985) erstellt.

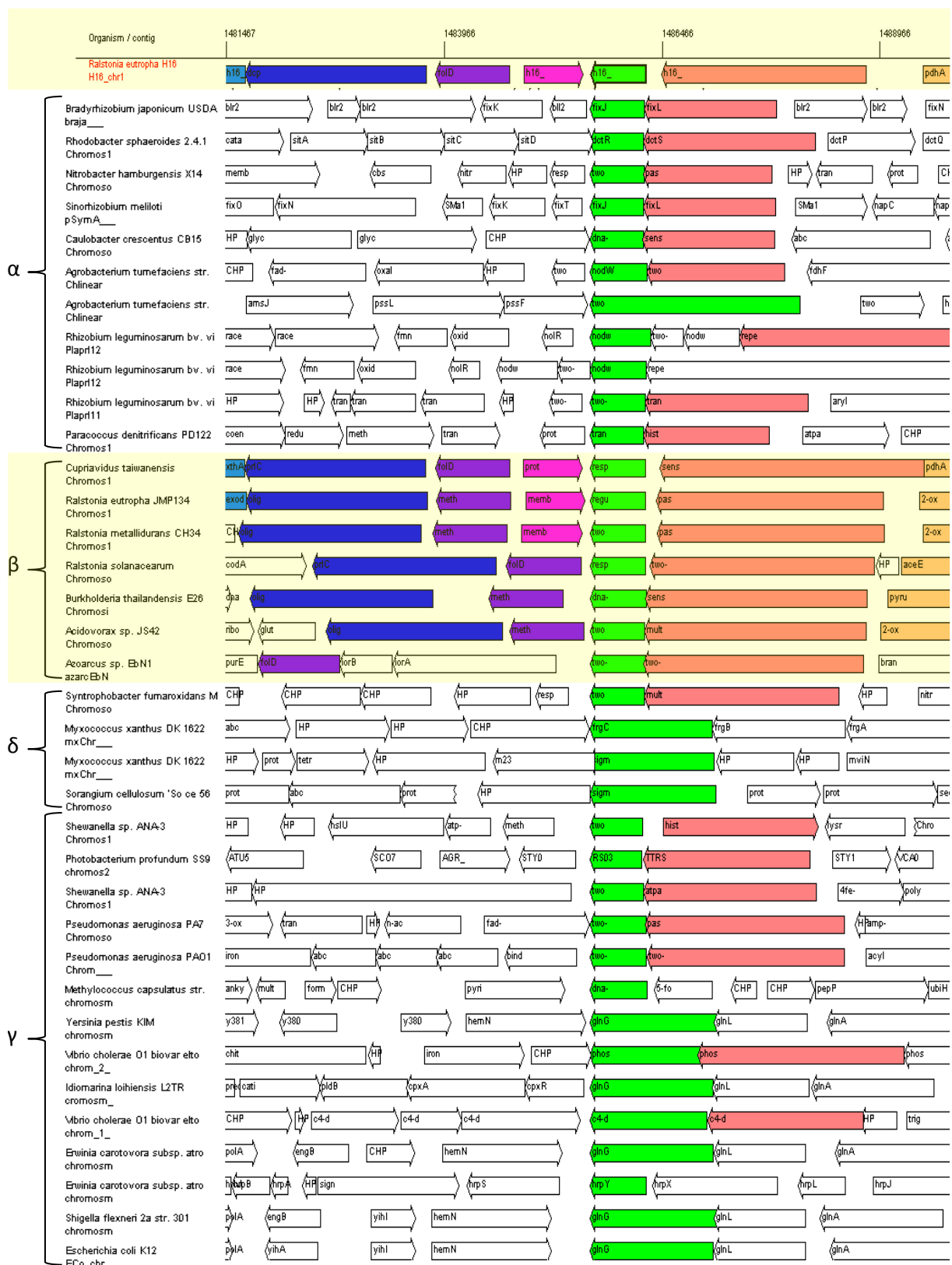


Abbildung 40 Vergleichende Darstellung der *gloR*-Genregion. Gegenübergestellt sind die Genregionen von *gloR* und seinen Homologen (grün gekennzeichnet) in *R. eutropha* und Vertretern der α-, β-, γ- und δ-Untergruppen der Proteobakterien. Homologe Gene sind mit der gleichen Farbe hinterlegt. Die erste Zeile zeigt die *gloR*-Genregion in *R. eutropha* H16. Innerhalb der Gruppe der β-Proteobakterien liegen *gloS/R* in unmittelbarer Nachbarschaft zu *fold* und *pdhA1*.

```

GloS -----MFIPLV 6
BphP MTQQTGTPPGLLYTPRMDSMPTAPSPTAPTVAAPIRWWRKWWRLSPTRQDRFAALAPLA 60
DctS -----MRD TTGGPAGAEVWTVPGLLGARKLDLLALIPLV 34
FixL -----

```

Putative TMH

```

GloS AIVLFTVAMGVILWSLHETERQQQORDALYRDAAWAQQRVRLSLLSNQDQLASLARDIAAA 66
BphP AVLMFLAAIVAAFWYLRAEEAEEREQEALRRDVEYAAQQRVRLRLLEEQEQLMRITARDLSNQ 120
DctS AIVALMTLVGALLFAVAQSDANRARAKLATDALWVEQTLRFQMAVDEEDVLVRLALDASAG 94
FixL -----MAPTRVTHPPDDGRGEHFRVRIEGFGVGTWDLDLKTWALDWSDTARTLLGI 51
      . : : . : : *

```

```

GloS QLEQGA YRTAAQEILRENPEIVFINWLDATKRGWLSLPSTSEFASRLRENQDQPLEPEVL 126
BphP DLGKAEFISRAEALISQYPELQAITWIDRRRIRASQAAPTASGELRIAGEVLKPGETA 180
DctS -ASQQALSARARLHLAANPETLGLRWYDATGRLIAAVPEGPGPAEALVRQLLASGALPP 153
FixL GQDQFASYDLFLSRLEP-----DDRERVESAIKRVSEKGGGFDVSVFRVAGTSN-- 99
      : : * * : . .

```

```

GloS DTFDAARETORVVYSRPLVNE-RGDSFMLMEVPIVRDNEFLGTLGALYSINGILTHLLPP 185
BphP DTFGLARDIQQFVYAQPAATGDAAPLLQLQVPLNNQKGFSGVVLGEYSIDSLRYGTPT 240
DctS RPVYGPVRDGRVVLAERVSAG-----GVVVATVSLPMMTERHLPP 194
FixL -----

```

```

GloS ELTERYRFSLLDKNNQTRASTSLRP-----VPGN--ALS YEVLDDPPGHSLSLRADAY 236
BphP EVLARYAVTLLDSKNQVLASTGLGPRNKATQLLPWTPKANEYEVFPVSPVGNGLVLAQAY 300
DctS WIAEQYGVRI SDTSG-VLAERARRP-----IAAAAPRHGISFDPPLAGTTLEIMAY 244
FixL -----AGQWIRARAG 109
      . : . *

```

Putative TMH

```

GloS PPASNLPNNMLLWLVGLSCFLLWSLWSMWRHTSRRSEAOQRAALLAETSFRAMENSMLIG 296
BphP RTS LGVVGSGLEFWLVGTLSAMTAWMLIATWRHTRRRMQAEALVAETNFRAMENSILTG 360
DctS DAPDAFGNAALLAAGALSVAVLAMVVLHNNALRRMAEDRLRAEMA FRAMENSLTVG 304
FixL LIRDEAG-----TARHLSGIFLDIDEKQVEGALRTRETHLRSILHTIPDA 155
      : . . . : * . . * : : : .

```

PAS

```

GloS LRALDLNGRITYVNPFAFCRMTCWQENDLVGRLEPPFPYWPPND--QEMQKQIDLTLOGKS 354
BphP MRALDMEGRISYVNAAFQMTGWSAEELVGLKAPFPYWPEAD--HETLQAKLRDELRGNT 418
DctS MRAKDLSGRILYVNGAFCKLVGLAAEDLVGRAQPMFYWAPDF--LEETLARQRLIEGQP 362
FixL MIVIDGHGIIQLFSTAERLFGWSELEAIGQNVNIMLPEPDRSRHDSYISRYRTSDPHI 215
      : . * * * . . * : : * : : : :

```

PAC

```

GloS PAGGYEMRVMRRDGSSFYARMYVSPLVDSRGRHTGWMSSMTDITEPKRAREELAAAHDRF 414
BphP MAGGFQVRVKRKSGTLFDARLYVSPLIDAHGQQTGWMTSMTDITEPNRIREQLSASHERF 478
DctS VPQAFETRFRSDGSEIEVQVFEAPLIDAGGRHRGWMGSVIDITQAK----- 409
FixL IGIGRIVTGKRRDGTTFPMHLSIGEMQS--GGEFYFTGFVRDLTEHQ----- 260
      . * . * : : : . : . * . : : * : :

```

```

GloS TTVLES LDAAVSVLATDKAELLFANRYRQLFGWEAEGHLKL AGDD--LDKDQVSSDNTD 472
BphP TTVLES LDASVSVAPLGSEELLFANKLYRQWFGSQTGHLQLVAQAGVVPVAGKEQSGMD 538
DctS -----
FixL -----

```

```

GloS YVDAYAGLPASELMPYASDAREVFVVPDMQKWEVRRRYIQWVDGHLAQMQIATDITVRKA 532
BphP DEDGLMGLPTDTLTSARSENAEIYLPDLGKWLEVRSSRYLNWVDGRLAQMQVIATDITPRL 598
DctS -----Q 410
FixL -----Q 261

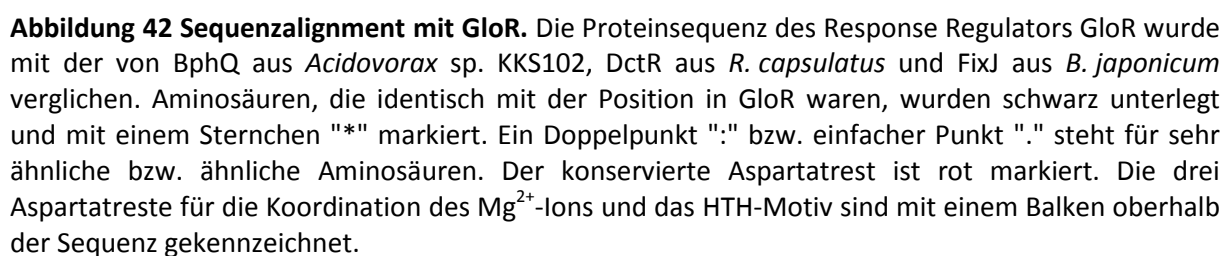
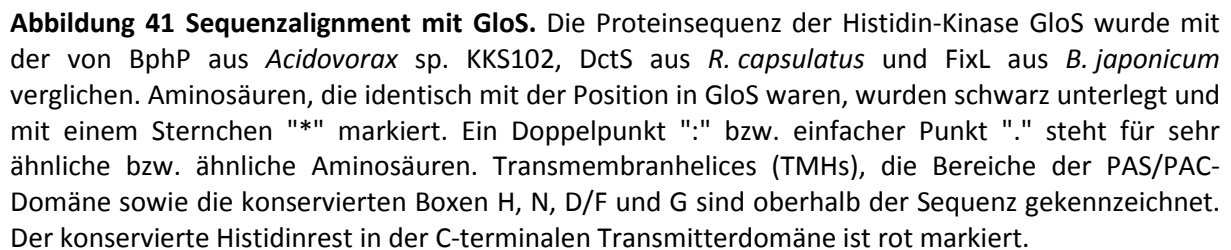
```

H-Box

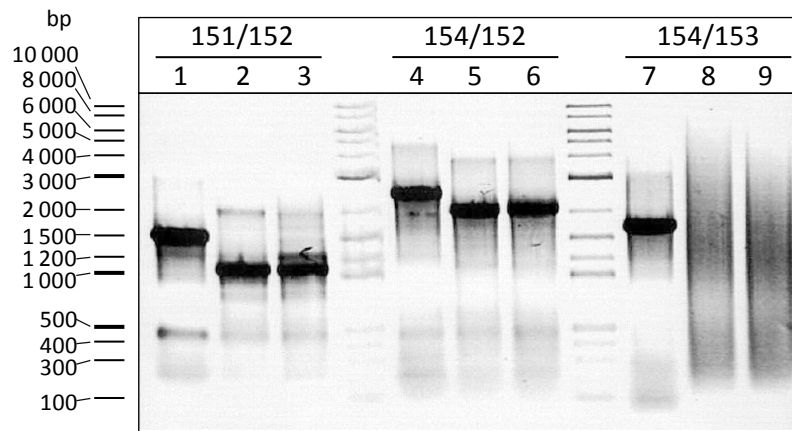
```

GloS AEEMARQHIERLQFTSRLITMGEMASSLAHELNQPLAAINNYCMGAVARLH-SGRSTPED 591
BphP AEEQAQRQAERAQSVSRLITMGEMASSVAHELNQPLTAINNYCSGMVSRIQ-SGQLTEEA 657
DctS AARLARAQDESLARTGRLVITGEMASTLAHELNQPLAAIASYAGGLNLFQ-QEPNLTMT 469
FixL TQARLQELQSELVHVSRLSAMGEMASALAHELNQPLAAISNYMKGSRRLLAGSSDPNTPK 321
      : : . . * * : : * * : : * * : : * * : : * * : :

```



(A) Agarose-Gelelektrophorese nach Kolonie-PCR



(B) PCR-Fragment-Längen

| Primerpaar | H16 | $\Delta gloR$ |
|------------|---------|---------------|
| 151/152 | 1518 bp | 1095 bp |
| 154/152 | 2472 bp | 2049 bp |
| 154/153 | 1656 bp | - |

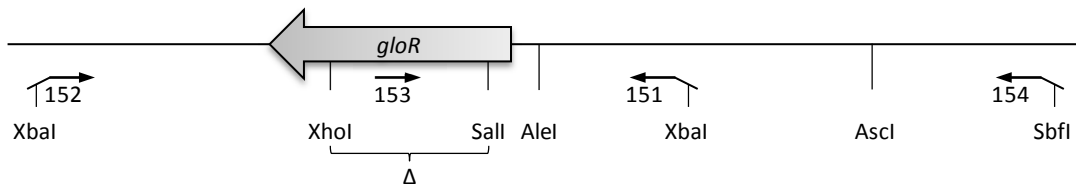
(C) Schematische Darstellung zur Lage der verwendeten Primer und Schnittstellen in der *gloR*-Region

Abbildung 43 Kontrolle zur *In-frame*-Deletion in *gloR*. (A) Kolonie-PCR von Wildtyp-Zellen (Spur 1, 4 und 7) und zwei isogenen Mutanten mit einer 423 bp langen Deletion in *gloR* (Spur 2 + 3, 5 + 6 und 8 + 9) unter Verwendung der drei Primerpaare 151/152, 154/152 und 154/153. Die resultierenden DNA-Fragmente wurden elektrophoretisch aufgetrennt und mit Ethidiumbromid gefärbt. Als Marker wurde 2-Log-DNA-Ladder eingesetzt. (B) Zu erwartende DNA-Fragmentlängen der einzelnen PCR-Ansätze. Da der Primer 153 keine komplementäre Region in $\Delta gloR$ findet, ist bei erfolgreicher Deletion kein Fragment zu erwarten (siehe Spur 8 + 9). (C) Schematische Darstellung der *gloR*-Region im Wildtypgenom unter Kennzeichnung der bei der Deletion verwendeten Restriktionsschnittstellen sowie der Bereiche zur Bindung der verwendeten Primer. Der Bereich zwischen der XhoI und Sall-Schnittstelle wurde deletiert (Δ).

```

      *      *      *      *      *      *      *
1  GGGGGCAGGGGCGGCGCCGACGGCGCGGAGAGGGCAGCCGGTGCGGCCGCGGGCCGACCCGGTCAGGCAGAGGCAGGC 80
   |||||
1  GGGGGCAGGGGCGGCGCCGACGGCGCGGAGAGGGCAGCCGGTGCGGCCGCGGGCCGACCCGGTCAGGCAGAGGCAGGC 80
      *      *      *      *      *      *      *

      *      *      *      *      *      *      *
81 GCCAGCCGCTCAAGCTGTTGCGTGACAGCGCCAGGCGCAGCAGGTCGGCGACGGTGTGACGTTGAGCTTTTCCATGATGT 160
   |||||
81 GCCAGCCGCTCAAGCTGTTGCGTGACAGCGCCAGGCGCAGCAGGTCGGCGACGGTGTGACGTTGAGCTTTTCCATGATGT 160
      *      *      *      *      *      *      *

161 TGGCGCGGTGCGCCTCCACGGTCTTGATGGAAATGCCAGGTCGTCGGCGATCTGCTTGTTTCAGGCGGCCGGCAACGATG 240
   |||||
161 TGGCGCGGTGCGCCTCCACGGTCTTGATGGAAATGCCAGGTCGTCGGCGATCTGCTTGTTTCAGGCGGCCGGCAACGATG 240
      *      *      *      *      *      *      *

241 CGCTC----- 247
   |||||
241 CGCTCGAGCACCTGCTGCTCGCGCGTGGTCAGCTTGTCCAGCAGGTCCTTGGCGGCGCGCTGCTCGCGTGCGGCGGAATG 320 XhoI
      *      *      *      *      *      *      *

248 ----- 248

321 GTCGGTGCGGGCCTTGCTCAGCATGCGCTCGACCACTGCGCGCAGCTCGGACTCATCGAAGGGCTTTTCGATGAAGTCGA 400
      *      *      *      *      *      *      *

248 ----- 248

401 TGGCGCCGCGCTTCATCGTCGATACCGCCATCGGCACGTCGCGCGTGGCCGGTGATAAAGACGATGGGAATGTCGATCTGC 480
      *      *      *      *      *      *      *

248 ----- 248

481 TCGGCCAGCATGCGCTCTGCACTTCCGGGCCGCTCATGCCGGGCATGCGCACGTCGAGGATCAGGCACGACACCTGGCT 560
      *      *      *      *      *      *      *

248 ----- 248

561 GGCATCGTAGGCGGCGAGGAAGTCTCGGCGCTGGTGAAGCTGCGCACCTGGTAGCCATTGCCCTCCAGCAGCCAGGTCA 640
      *      *      *      *      *      *      *

      *      *      *      *      *      *      *
248 -----GACGATGAACACGGTCTCGCCGCGGTGGGGCGTGGGGTTTGGCGTTGCGGTC 297
   |||||
641 GCGAGTCGCGCATGGCTTCATCGTCTGTCGACGATGAACACGGTCTCGCCGCGGTGGGGCGTGGGGTTTGGCGTTGCGGTC 720 SalI
      *      *      *      *      *      *      *

      *      *      *      *      *      *      *
298 ATGTAGTCTCCTCGGGACAACAATTCATTGCTGCGAAGTGTAACCGGCAGCGGCCCTCTGTGGCGAGACAGGCCCCCAC 377
   |||||
721 ATGTAGTCTCCTCGGGACAACAATTCATTGCTGCGAAGTGTAACCGGCAGCGGCCCTCTGTGGCGAGACAGGCCCCCAC 800
      *      *      *      *      *      *      *

378 ATCCGTGGGGGAAACGGGGCGGGCCGGCTTTTGTGGAATCCTTGGGCATGCCCGGGCGCGAAGGCCTCGGCAACAGGGC 457
   |||||
801 ATCCGTGGGGGAAACGGGGCGGGCCGGCTTTTGTGGAATCCTTGGGCATGCCCGGGCGCGAAGGCCTCGGCAACAGGGC 880
      *      *      *      *      *      *      *

458 CTGTGCTTCGGCTTAATGCTCGGCCAGCGCCGATTGCAGCGGCAGCATGATTTAAATGTACAGCCGATGCCGTCG 533
   |||||
881 CTGTGCTTCGGCTTAATGCTCGGCCAGCGCCGATTGCAGCGGCAGCATGATTTAAATGTACAGCCGATGCCGTCG 956
      *      *      *      *      *      *      *

```

Abbildung 44 Sequenzierung der *gloR*-Region zum Nachweis der *In-frame*-Deletion. Dargestellt ist der Sequenzvergleich der *gloR*-Region in $\Delta gloR$ (obere Zeile) und im Wildtyp H16 (untere Zeile). Das Start- bzw. Stoppcodon ist jeweils schwarz hinterlegt. Die *Sall*- und *XhoI*-Schnittstellen sind jeweils durch einen grauen Hintergrund markiert. Sternchen "*" kennzeichnen Abstände in den Sequenzen von 10 bp.

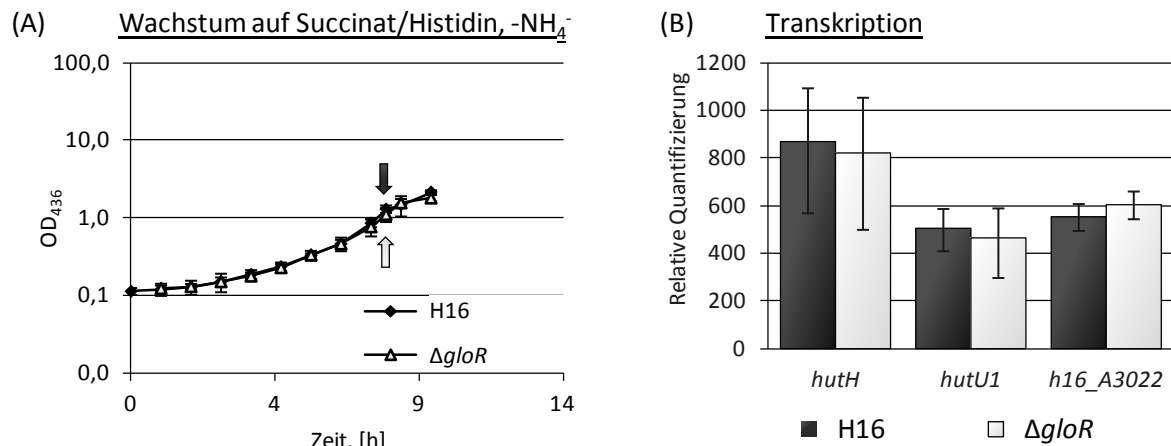


Abbildung 45 Histidin als Stickstoffquelle. (A) Wachstum des Wildtyps H16 und $\Delta gloR$ in Succinatmedium mit Histidin als einzige Stickstoffquelle. Dargestellt ist jeweils das Mittel zweier biologischer Replikate. Die Pfeile markieren die Erntepunkte von Zellen für die nachfolgende Transkriptanalyse. (B) qRT-PCR-Experiment zur Transkriptionsanalyse des Histidasegens (*hutH*), Urocanasegens (*hutU1*) sowie des Gens der periplasmatischen Untereinheit (*h16_A3022*) eines putativen Histidintransporters. Die relative Quantifizierung erfolgte separat für jedes Transkript durch Normierung auf den Wert von H16 beim Wachstum auf Succinat + NH_4^+ .

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|----------|--|-------------------------------------|----------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|--|--------------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (F/+O ₂) NSC F | |
| H16_A0036 | | 34 | 9,3 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,7 0,045 | -1,7 | -1,7 | -1,7 0,045 | -1,7 | -1,7 | -1,7 | - | - | |
| H16_A0037 | | 33 | 6,9 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0039 | | 22 | 8,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,9 0,015 | -1,9 | -1,9 | -1,9 0,015 | -1,9 | -1,9 | -1,9 | - | - | |
| H16_A0042 | | 45 | 5,2 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0046 | <i>hisM</i> | 24 | 8,8 | 4 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0047 | <i>hisJ</i> | 28 | 9,5 | 0 | -0,2 | LA | 17 | - | - | - | - | 4 | 5 0,1 0,465 | -3,1 | 5 0,2 | 5 0,2 0,450 | -3,1 | -3,1 | -3,1 | - | - | |
| H16_A0054 | | 31 | 5,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0057 | | 39 | 5,7 | 0 | 0,4 | - | - | - | LA/SN | 7/7 | 1,4 | 0,1/2,6 | 3 | 1 -1,4 0,182 | -2,4 | -2,4 | -2,4 0,102 | -2,4 | -2,4 | -2,4 | 8 | |
| H16_A0058 | | 33 | 9,5 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,9 0,015 | -1,9 | -1,9 | 2 0 0,482 | -1,9 | -1,9 | -1,9 | - | - | |
| H16_A0065 | | 22 | 9,0 | 0 | -0,1 | LA | 16 | 1,9 | 0,5/3,4 | - | - | 7 | 3 -1,1 0,103 | 4 -0,7 | 4 -0,7 | -2,1 0,034 | 3 -1,3 | -3,7 | -3,7 | - | - | |
| H16_A0069 | | 27 | 5,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 1 | -0,7 0,123 | -0,7 | -0,7 | -0,7 0,123 | -0,7 | -0,7 | -0,7 | - | - | |
| H16_A0071 | | 28 | 7,7 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 1,7 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0072 | | 30 | 5,0 | 0 | 0,1 | LA | 12 | 1,2 | 0/2,9 | - | - | 4 | 4 0,2 0,357 | 9 1,2 | 8 1,2 | 5 0,5 0,196 | 5 0,6 | 5 0,5 | - | - | | |
| H16_A0079 | | 32 | 9,3 | 0 | 0,0 | LA/SN | 15/7 | 0,1 | -1,2/1,4 | - | - | 2 | 3 0,7 0,167 | 5 1,7 | 3 0,9 | 3 0,9 0,247 | 5 1,8 | -1,7 | -1,7 | - | - | |
| H16_A0083 | | 39 | 9,2 | 1 | -0,3 | LA/SN | 24/24 | 0,2 | -0,9/1,5 | LA/SN | 52/47 | 0,2 | -0,2/0,7 | 35 | 10 -1,7 0,087 | 12 -1,6 | 11 -1,6 | 13 -1,4 0,108 | 16 -1,1 | 17 -1,1 | 459 | 227 -1 0,171 |
| H16_A0085 | | 29 | 6,4 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN | 13/13 | 0,6 | -1/2,4 | - | - | - | 4 3,0 | 7 3,8 0,037 | - | - | - | 31 | |
| H16_A0086 | | 29 | 5,3 | 0 | 0,0 | LA/SN | 20/17 | 0,1 | -1,3/1,3 | - | - | 8 | 9 0,2 0,308 | 7 -0,1 | 10 0,4 | 13 0,7 0,145 | 7 -0,1 | 8 0,1 | - | - | 18 | |
| H16_A0087 | <i>corA1</i> | 36 | 6,2 | 2 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0089 | | 30 | 8,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 1 | -1,1 0,094 | -1,1 | -1,1 | -1,1 0,094 | -1,1 | -1,1 | -1,1 | - | - | |
| H16_A0091 | | 33 | 9,6 | 0 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,7 0,026 | -1,7 | -1,7 | -1,1 0,187 | -1,7 | -1,7 | -1,7 | - | - | |
| H16_A0095 | | 20 | 5,3 | 1 | -0,2 | - | - | - | LA | 9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | |
| H16_A0096 | | 45 | 9,2 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0103 | | 52 | 5,3 | 0 | -0,1 | LA/SN | 5/5 | - | - | - | - | 5 | 2 -1,3 0,096 | 5 0,1 | -3,3 | 3 -0,7 0,179 | -3,3 | 4 -0,2 | - | - | 2 | |
| H16_A0106 | | 14 | 6,7 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,0 0,077 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0107 | | 28 | 5,9 | 0 | -0,1 | LA | 18 | 1,6 | 0,2/3,3 | - | - | 7 | 3 -1,2 0,176 | -3,9 | 6 -0,3 | 5 -0,6 0,276 | 3 -1,4 | 3 -1,2 | - | - | - | |
| H16_A0108 | <i>gatB</i> | 53 | 5,3 | 0 | -0,2 | LA/SN | 21/23 | -0,1 | -0,9/0,7 | LA/SN | 8/7 | 0,2 | -1,7/1,8 | 21 | 24 0,2 0,258 | 17 -0,3 | 12 -0,8 | 19 -0,2 0,191 | 15 -0,5 | 21 0 | 7 | 6 -0,2 0,442 |
| H16_A0109 | | 36 | 10,1 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,8 0,114 | -1,8 | -1,8 | -1,8 0,114 | -1,8 | -1,8 | -1,8 | - | - | |
| H16_A0111 | <i>gatA1</i> | 54 | 6,7 | 0 | -0,2 | LA/SN | 11/15 | 0,0 | -1,5/1,1 | - | - | 12 | 17 0,5 0,039 | 18 0,6 | 12 0 | 12 0 0,440 | 16 0,4 | 24 1 | - | - | - | |
| H16_A0113 | <i>mreB</i> | 37 | 5,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | LA/SN | 24/24 | -0,4 | -1,2/0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | 33 | |
| H16_A0114 | <i>mreC</i> | 34 | 9,4 | 1 | 0,0 | - | - | - | LA/SN | 11/14 | -0,4 | -1,5/0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | |
| H16_A0116 | <i>ftsI2</i> | 83 | 8,7 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA/SN | 5/7 | 0,3 | -1,2/1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | |
| H16_A0118 | | 25 | 5,6 | 0 | -0,2 | LA | 11 | 0,2 | -1,1/1,5 | - | - | 7 | 6 -0,3 0,279 | -3,8 | 8 0,2 | 4 -0,9 0,114 | 5 -0,4 | 8 0,2 | - | - | 17 | |
| H16_A0120 | | 36 | 6,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | -1,8 0,102 | -1,8 | -1,8 | 1 -0,2 0,434 | -1,8 | -1,8 | - | - | - | |
| H16_A0121 | | 14 | 7,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | |
| H16_A0122 | <i>lipB</i> | 28 | 5,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 2 1,6 0,093 | - | - | 1 1,2 0,115 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0123 | <i>lipA</i> | 37 | 6,9 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | 3 2,6 0,034 | - | - | 3 2,7 0,023 | - | - | - | - | - | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|------------|-------------------------------------|--------------------------|--------|------------|--|--------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|-------------------|------------|---------------------------------------|--------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|------|-----|------|-----|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | ØNSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | |
| Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | ØNSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | |
| H16_A0176 | | 26 | 7,2 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | LA | 11 | - | - | - | - | 3 | 3 | 0,1 | 0,438 | - | -2,4 | - | -2,4 | 2 | -0,1 | 0,468 | 2 | -0,6 | - | -2,4 | 3 | 2 | -0,7 | 0,278 | - | -2,8 | 3 | -0,4 | 3 | -0,1 | 0,452 | - | -2,8 | 6 | 0,7 | |
| H16_A0177 | | 58 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA | 4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 11 | 10 | -0,2 | 0,385 | 13 | 0,2 | 3 | -1,8 | 14 | 0,4 | 0,319 | 7 | -0,6 | 9 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0179 | | 28 | 6,1 | 0 | 0,1 | LA/SN | 39/20 | 1,3 | 0/2,4 | - | - | - | - | - | - | 17 | 19 | 0,1 | 0,119 | 19 | 0,2 | 27 | 0,7 | 15 | -0,2 | 0,391 | 26 | 0,7 | 25 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0180 | bioA | 54 | 6,7 | 0 | -0,1 | LA/SN | 7/7 | -0,5 | -2,8/3,1 | - | - | - | - | - | - | 5 | 25 | 2,5 | 0,003 | 4 | -0,1 | 8 | 0,8 | 12 | 1,4 | 0,038 | 10 | 1,1 | - | -3,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A0181 | bioF | 43 | 6,2 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | LA/SN | 5/5 | 0,0 | -2/1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0182 | bioD | 25 | 7,0 | 0 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A0183 | bioB | 37 | 5,6 | 0 | -0,2 | LA/SN | 9/12 | -0,5 | -1,5/0,9 | - | - | - | - | - | - | 7 | 17 | 1,2 | 0,080 | - | -3,9 | 15 | 1,1 | 16 | 1,1 | 0,036 | - | -3,9 | - | -3,9 | - | - | 6 | 3,7 | 0,034 | 4 | 3,1 | 7 | 3,8 | 4 | 3,0 | 0,054 | 4 | 3,0 | 4 | 3,0 |
| H16_A0184 | accC1 | 73 | 6,2 | 0 | -0,1 | LA | 9 | -0,2 | -5/1,9 | LA | 4 | - | - | - | - | 26 | 20 | -0,4 | 0,284 | 23 | -0,2 | 18 | -0,5 | 21 | -0,3 | 0,259 | 13 | -1 | 14 | -0,9 | 2 | 10 | 2,2 | 0,098 | 3 | 0,5 | 3 | 0,2 | 7 | 1,6 | 0,121 | 2 | -0,5 | 2 | 0,1 | |
| H16_A0185 | | 34 | 6,8 | 0 | 0,0 | LA/SN | 17/21 | -0,1 | -1,3/0,9 | - | - | - | - | - | - | 8 | 5 | -0,5 | 0,286 | 6 | -0,3 | 8 | 0,1 | 9 | 0,3 | 0,294 | 5 | -0,8 | 4 | -0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0186 | | 33 | 5,9 | 0 | 0,2 | LA/SN | 14/7 | 1,2 | 0,1/2,4 | - | - | - | - | - | - | 6 | 12 | 0,9 | 0,119 | 13 | 1 | 7 | 0,2 | 13 | 1 | 0,067 | 11 | 0,8 | 8 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0190 | gloB1 | 34 | 6,0 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,8 | 0,262 | - | -0,6 | - | -0,6 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | - | -0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0191 | | 79 | 6,1 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0193 | | 45 | 4,8 | 0 | -0,1 | LA/SN | 5/5 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 3 | 0 | 0,478 | - | -2,7 | - | -2,7 | 3 | -0,3 | 0,357 | 3 | -0,2 | - | -2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0194 | dksA1 | 25 | 8,9 | 0 | -0,9 | LA/SN | 35/33 | 0,2 | -1,4/2,4 | - | - | - | - | - | - | 14 | 12 | -0,2 | 0,423 | 12 | -0,2 | 26 | 0,9 | 14 | 0,1 | 0,473 | 19 | 0,5 | 24 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0195 | | 41 | 6,0 | 0 | -0,4 | LA/SN | 22/15 | -0,3 | -2,1/1,1 | LA/SN | 28/28 | 0,1 | -0,8/1,3 | - | - | 6 | 11 | 0,8 | 0,243 | 9 | 0,5 | 10 | 0,7 | 14 | 1,2 | 0,034 | 11 | 0,8 | - | -3,6 | 28 | 17 | -0,7 | 0,094 | 40 | 0,5 | 33 | 0,2 | 28 | 0 | 0,456 | 20 | -0,5 | 30 | 0,1 | |
| H16_A0197 | | 33 | 6,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0198 | | 34 | 9,4 | 0 | 0,1 | LA/SN | 24/9 | 2,5 | 1,3/3,9 | - | - | - | - | - | - | 28 | 40 | 0,5 | 0,308 | 46 | 0,7 | 60 | 1,1 | 29 | 0,1 | 0,448 | 39 | 0,5 | 41 | 0,6 | 2 | 3 | 0,6 | 0,260 | - | -2,0 | - | -2,0 | 4 | 1,1 | 0,026 | - | -2,0 | - | -2,0 | |
| H16_A0199 | clpY | 19 | 6,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN | 10/10 | 0,8 | -0,5/2,1 | - | - | - | 5 | 3,4 | 0,099 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0200 | clpQ | 49 | 5,7 | 0 | -0,3 | LA/SN | 24/21 | 0,3 | -0,4/1,2 | LA/SN | 5/8 | 3,7 | 2,5/4,9 | - | - | 19 | 15 | -0,3 | 0,290 | 14 | -0,4 | 29 | 0,6 | 23 | 0,3 | 0,300 | 16 | -0,2 | 24 | 0,4 | 4 | 6 | 0,6 | 0,248 | 5 | 0,4 | 3 | -0,3 | 3 | -0,7 | 0,238 | 9 | 1,1 | 7 | 0,8 | |
| H16_A0203 | | 49 | 7,6 | 6 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-----------------|--------------------------|-------------------------------------|---------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-----------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC+O ₂ | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | |
| H16_A0235 | thiC | 70 | 6,1 | 0 | -0,4 | LA/SN 27/30 | -0,5 -1,4/0,2 | - | LA/SN 7/8 | 0,3 -2,1/2,1 | - | 38 | 149 | 2 | 0,003 | 109 | 1,5 | 97 | 1,4 | 72 | 0,9 | 0,087 | 72 | 0,9 | 72 | 0,9 | - | 30 | 5,9 | 0,143 | 69 | 7,1 | 46 | 6,5 | 6 | 3,5 | 0,069 | 33 | 6,0 | 27 | 5,8 |
| H16_A0236 | thiO | 42 | 7,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 1 | 20 | 4,3 | 0,009 | 14 | 3,8 | 30 | 4,9 | 20 | 4,3 | 0,085 | 9 | 3,2 | 3 | 1,7 | - | 42 | 6,4 | 0,041 | 31 | 6,0 | 35 | 6,1 | 21 | 5,4 | 0,034 | 34 | 6,1 | 44 | 6,5 |
| H16_A0238 | thiG | 30 | 5,1 | 0 | 0,1 | LA/SN 8/14 | - | - | - | - | - | 3 | 29 | 3,1 | 0,058 | 22 | 2,8 | 39 | 3,5 | 19 | 2,6 | 0,004 | 22 | 2,7 | 30 | 3,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0239 | thiE | 40 | 5,8 | 0 | 0,1 | LA/SN 6/7 | -0,5 -1,8/0,9 | - | - | - | - | 3 | 41 | 3,6 | 0,035 | 33 | 3,3 | 37 | 3,5 | 28 | 3,1 | 0,096 | 20 | 2,6 | - | -2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0240 | - | 18 | 6,4 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0244 | ahcY | 52 | 6,2 | 0 | -0,2 | LA/SN 20/32 | -1,3 -2/-0,8 | SN | 5 | - | - | 73 | 105 | 0,5 | 0,082 | 96 | 0,4 | 57 | -0,4 | 75 | 0 | 0,479 | 92 | 0,3 | 120 | 0,7 | 3 | 21 | 2,8 | 0,158 | 6 | 1,1 | 4 | 0,5 | 5 | 0,6 | 0,263 | 25 | 3,1 | 5 | 0,6 |
| H16_A0246 | - | 31 | 7,0 | 0 | -0,2 | LA/SN 19/22 | -0,8 -2,4/0,9 | - | - | - | - | 16 | 10 | -0,6 | 0,039 | 23 | 0,6 | 8 | -1 | 17 | 0,1 | 0,378 | 27 | 0,8 | 17 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0250 | - | 73 | 9,1 | 0 | -0,4 | LA/SN 15/14 | 0,4 -0,6/1,5 | - | - | - | - | 18 | 22 | 0,3 | 0,229 | 21 | 0,3 | 11 | -0,7 | 23 | 0,3 | 0,226 | 10 | -0,8 | 13 | -0,5 | 2 | 4 | 1 | 0,139 | - | -2,1 | - | -2,1 | 3 | 0,3 | 0,262 | - | -2,1 | - | -2,1 |
| H16_A0252 | - | 26 | 5,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 28/19 | 0,3 -1/2,1 | - | - | - | - | 13 | 30 | 1,2 | 0,026 | 20 | 0,6 | 36 | 1,5 | 19 | 0,5 | 0,293 | 37 | 1,5 | 23 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 |
| H16_A0253 | cca | 45 | 6,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,7 | 0,282 | - | -2,8 | - | -2,8 | 3 | -0,2 | 0,413 | - | -2,8 | - | -2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0257 | - | 43 | 5,2 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 6 | 3 | -1,1 | 0,083 | - | -3,7 | - | -3,7 | 3 | -1,1 | 0,123 | - | -3,7 | - | -3,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0258 | - | 30 | 8,3 | 0 | 0,0 | LA/SN 26/19 | 0,4 -0,8/2 | - | - | - | - | 7 | 15 | 1 | 0,109 | 21 | 1,6 | 19 | 1,4 | 20 | 1,5 | 0,001 | 22 | 1,6 | 22 | 1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0260 | - | 35 | 7,1 | 0 | -0,3 | SN 14 | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,5 | 0,159 | - | -1,5 | - | -1,5 | 4 | 1,5 | 0,080 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,2 |
| H16_A0261 | - | 32 | 9,3 | 0 | -0,7 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,1 | 0,145 | - | -1,1 | - | -1,1 | 2 | 1 | 0,294 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,9 | 0,099 | - | - | - | - | - |
| H16_A0262 | glmU | 48 | 7,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 9 | 12 | 0,3 | 0,276 | 12 | 0,3 | 5 | -0,9 | 7 | -0,4 | 0,209 | 6 | -0,6 | 12 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,6 | 0,136 | - | - | - | - | - |
| H16_A0263 | glmS | 66 | 6,1 | 0 | 0,0 | LA/SN 8/7 | -1,0 -5/1,3 | LA/SN 5/3 | -0,2 -1,5/1,6 | - | - | 13 | 17 | 0,4 | 0,179 | 18 | 0,5 | 24 | 1 | 20 | 0,7 | 0,144 | 13 | 0 | 19 | 0,6 | 3 | 9 | 1,8 | 0,178 | 10 | 1,9 | 7 | 1,4 | 4 | 0,7 | 0,269 | 10 | 1,9 | 10 | 2 |
| H16_A0269 | - | 16 | 7,8 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -0,7 | 0,335 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -1,8 | 0,114 | - | -1,8 | 2 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0270 | czcD1 | 36 | 6,6 | 5 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0272 | aptA | 47 | 7,0 | 0 | 0,1 | LA 12 | -1,0 -5/3,3 | - | - | - | - | 14 | 17 | 0,3 | 0,325 | 29 | 1 | 34 | 1,3 | 34 | 1,3 | 0,031 | 36 | 1,4 | - | -4,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0273 | mmsA1 | 54 | 6,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 14/9 | 1,2 -0,2/3 | - | - | - | - | 9 | 15 | 0,7 | 0,075 | 10 | 0,1 | 9 | 0 | 18 | 1 | 0,055 | 11 | 0,3 | 20 | 1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0280 | sbm1 | 121 | 6,0 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | 5 | 1 | -2,2 | 0,093 | - | -3,3 | - | -3,3 | 4 | -0,2 | 0,402 | - | -3,3 | - | -3,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0281 | - | 16 | 6,3 | 0 | -0,2 | LA 16 | 0,7 -0,2/1,5 | - | - | - | - | 6 | 4 | -0,4 | 0,355 | 5 | -0,2 | 9 | 0,6 | - | -0,7 | 0,337 | - | -3,6 | 14 | 1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0282 | paaH1 | 30 | 6,8 | 0 | 0,3 | LA/SN 27/27 | 0,5 -0,3/1,4 | - | - | - | - | 9 | 14 | 0,7 | 0,026 | 23 | 1,5 | 15 | 0,8 | 13 | 0,6 | 0,187 | 16 | 0,9 | 12 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,4 | 0,124 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0284 | crp1 | 25 | 5,7 | 0 | -0,1 | LA 24 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 0,147 | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0285 | - | 72 | 5,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,3 | 0,100 | - | -1,3 | - | -1,3 | - | -1,3 | 0,100 | - | -1,3 | - | -1,3 |
| H16_A0289 | - | 48 | 9,1 | 0 | -0,2 | LA 6 | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,1 | 0,094 | 7 | 2,8 | - | -1,1 | - | -1,1 | 0,094 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0293 | nppD | 34 | 6,4 | 0 | 0,2 | LA/SN 15/12 | 0,8 -1/2,5 | - | - | - | - | 3 | 4 | 0,4 | 0,326 | 7 | 1,1 | 6 | 0,8 | 9 | 1,3 | 0,086 | 4 | 0,1 | 4 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0297 | gltrR1 | 48 | 6,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | SN 8 | -0,1 -1,5/1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,8 | 0,096 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -1,8 | 0,096 | - | -1,8 | - | -1,8 | |
| H16_A0299 | gltrP1 | 46 | 9,0 | 8 | 0,9 | - | - | - | - | SN 12 | -2,8 -4/-1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0301 | - | 23 | 6,8 | 0 | 0,1 | LA/SN 10/9 | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,9 | 0,079 | - | -2,3 | - | -2,3 | 2 | -0,5 | 0,275 | 4 | 0,6 | - | -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0302 | dac | 44 | 9,3 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN 32/37 | -1,0 -1,7/-0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | -1 | 0,341 | - | - | - | - | 33 | 32 | 0 | 0,429 | 26 | -0,3 | 29 | -0,2 | 20 | -0,7 | 0,015 | 25 | -0,4 | 23 | -0,5 |
| H16_A0304 | asmT | 44 | 8,2 | 0 | -0,2 | SN 8 | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,8 | 0,163 | - | -2,8 | - | -2,8 | 2 | -0,9 | 0,209 | - | -2,8 | - | -2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0305 | uvrD1 | 77 | 6,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | SN 5 | -0,5 -2/1,5 | 1 | - | -1 | 0,124 | - | -1 | - | -1 | - | -1 | 0,124 | - | -1 | - | -1 | 5 | - | -3,3 | 0,086 | - | -3,3 | - | -3,3 | - | -3,3 | 0,086 | - | -3,3 | - | -3,3 |
| H16_A0306 | bcp | 19 | 9,3 | 1 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 10 | 5 | -0,9 | 0,070 | 2 | -2,2 | 9 | -0,2 | 7 | -0,5 | 0,166 | 8 | -0,3 | 6 | -0,9 | |
| H16_A0308 | - | 21 | 8,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 15/15 | 0,3 -0,9/1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 2 | -2,2 | 0,007 | 5 | -0,5 | 5 | -0,5 | 1 | -2,8 | 0,004 | 3 | -1,2 | 3 | -1,2 | |
| H16_A0310 | - | 26 | 6,6 | 0 | -0,2 | LA/SN 9/8 | 0,1 -1,1/1,3 | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,5 | 0,352 | - | -1,6 | - | -1,6 | 2 | 0,4 | 0,310 | - | -1,6 | - | -1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------------|---------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|-----|-------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A +O ₂ | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC A +O ₂ | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A0318 | | 10 | 5,5 | 0 | -0,6 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,6 | 0,103 | 5 | 2,8 | - | -0,6 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | 3 | 2,1 | - | 1 | 1,2 | 0,107 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-----------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|-----------|-------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SeqAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SeqAbd, % | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A0374 | | 32 | 6,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------------|--|------------|--------------------------|-------------------------------------|-------------------|------------|--------------------------|-------------------------------------|----------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|----------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | SequAbd, % | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | SequAbd, % | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC +O ₂ | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | ØNSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) |
| H16_A0446 | 34 | 9,3 | 3 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 24/23 | 0,6 | -0,2/1,5 | 5 | - | -3,4 | 0,144 | 4 | -0,3 | - | -3,4 | - | -2,8 | 0,172 | - | -3,4 | - | -3,4 | 26 | 29 | 0,2 | 0,430 | 39 | 0,6 | 56 | 1,1 | 35 | 0,4 | 0,316 | 51 | 1 | 48 | 0,9 |
| H16_A0447 | 27 | 7,6 | 0 | -0,2 | LA | 14 | - | - | LA/SN 9/10 | - | - | 5 | 4 | -0,3 | 0,341 | 6 | 0,4 | - | -3,3 | 5 | 0 | 0,499 | - | -3,3 | 4 | -0,2 | 3 | 3 | -0,1 | 0,448 | 3 | 0,2 | 3 | 0,2 | 5 | 0,6 | 0,234 | - | -2,5 | - | -2,5 |
| H16_A0448 | aarF | 60 | 7,6 | 1 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 7/7 | 0,4 | -0,6/1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 12 | 9 | -0,5 | 0,111 | 22 | 0,8 | 25 | 1 | 13 | 0 | 0,446 | 20 | 0,7 | 17 | 0,5 | |
| H16_A0449 | 23 | 4,9 | 0 | -0,2 | LA | 14 | - | - | - | - | - | 3 | 1 | -1,6 | 0,164 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | -2,7 | 0,094 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0451 | 13 | 7,9 | 0 | -0,1 | LA/SN 15/15 | -0,9 | -2/0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0452 | 26 | 9,2 | 2 | 0,3 | - | - | - | - | LA/SN 20/16 | 0,1 | -1,5/1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 6 | -0,4 | 0,133 | 5 | -0,5 | 9 | 0,3 | 4 | -0,9 | 0,022 | 6 | -0,4 | 9 | 0,2 | |
| H16_A0453 | aspS | 68 | 5,8 | 0 | -0,4 | LA/SN 17/18 | -0,5 | -1,4/0,2 | LA/SN 23/29 | -0,6 | -1,8/0,4 | 32 | 36 | 0,2 | 0,173 | 27 | -0,3 | 32 | 0 | 30 | -0,1 | 0,240 | 30 | -0,1 | 32 | 0 | 40 | 28 | -0,5 | 0,283 | 56 | 0,5 | 17 | -1,2 | 19 | -1,1 | 0,083 | 66 | 0,7 | 61 | 0,6 |
| H16_A0454 | 33 | 6,1 | 1 | -0,2 | - | - | - | - | LA/SN 10/15 | -2,7 | -5/0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 6 | 0,2 | 0,418 | 10 | 0,8 | 16 | 1,5 | 7 | 0,2 | 0,396 | 4 | -0,5 | 11 | 1 | |
| H16_A0455 | 18 | 5,3 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,4 | 0,400 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | -1,5 | 0,028 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0459 | 24 | 7,6 | 0 | -0,3 | LA | 12 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0460 | acaD | 65 | 5,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 3 | 1 | -1,3 | 0,144 | - | -2,7 | - | -2,7 | 1 | -1,2 | 0,148 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0461 | 86 | 7,8 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 5 | -0,7 | 0,028 | 7 | -0,1 | -4,0 | 5 | -0,7 | 0,099 | - | -4,0 | 2 | -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0464 | 28 | 6,4 | 0 | 0,1 | LA | 12 | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------------|--------------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|--|--|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | | |
| H16_A0563 | | 36 | 9,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 8/9 | 0,8 -0,5/2,3 | - | - | - | - | 5 | 3 -0,9 0,073 | 3 -0,7 | 7 0,5 | 4 -0,2 0,320 | 3 -0,9 | 4 -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0566 | <i>pgk</i> | 41 | 6,1 | 0 | 0,2 | LA/SN 37/31 | 0,5 -0,4/1,4 | - | - | - | - | 46 | 27 -0,7 0,001 | 33 -0,5 | 32 -0,5 | 35 -0,4 0,153 | 34 -0,4 | 5 -3,1 | - | - | - | - | 3 2,4 0,124 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0567 | <i>pyk1</i> | 51 | 6,1 | 0 | 0,0 | LA/SN 12/13 | 0,5 -0,7/1,8 | - | - | - | - | 13 | 12 -0,1 0,419 | 18 0,5 | 3 -2 | 10 -0,3 0,270 | 8 -0,6 | 19 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0568 | <i>fba</i> | 38 | 5,9 | 0 | -0,2 | LA/SN 25/23 | 0,7 -0,8/3,4 | - | - | - | - | 22 | 24 0,1 0,257 | 53 1,3 | 46 1,1 | 30 0,5 0,037 | 49 1,2 | 9 -1,2 | - | - | - | - | 2 1,7 0,123 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0569 | <i>purC</i> | 33 | 5,5 | 0 | -0,2 | LA/SN 24/32 | -0,1 -1,2/0,9 | - | - | - | - | 19 | 17 -0,2 0,359 | 22 0,2 | 20 0,1 | 19 0 0,473 | 26 0,4 | 17 -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0570 | <i>purE</i> | 17 | 7,6 | 0 | 0,3 | LA/SN 36/33 | 0,0 -1/1,9 | - | - | - | - | 5 | 5 0 0,480 | 3 -0,6 | 11 1,2 | - 0 0,492 | 5 0,2 | 7 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0571 | <i>purK</i> | 45 | 5,8 | 0 | -0,1 | SN 6 | - | - | - | - | - | 4 | 2 -0,8 0,182 | 3 -0,3 | - -3,0 | 4 -0,1 0,449 | 3 -0,6 | - -3,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0572 | <i>sua</i> | 34 | 5,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 3 | - -2,5 0,151 | - -2,5 | - -2,5 | - -2,5 0,151 | - -2,5 | - -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0577 | | 42 | 9,5 | 1 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 2 | - -1,9 0,002 | - -1,9 | - -1,9 | - -1,9 0,002 | 3 0,6 | - -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0581 | <i>acrC1</i> | 52 | 6,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 5/5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | 4 -1,3 0,050 | - -4,1 | - -4,1 | 5 -0,9 0,099 | - -4,1 | - -4,1 | - | - |
| H16_A0582 | <i>acrB1a</i> | 117 | 9,4 | 10 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - -2,3 0,147 | - -2,3 | - -2,3 | - -2,3 0,147 | - -2,3 | - -2,3 | - | - | |
| H16_A0583 | <i>acrB1b</i> | 112 | 6,2 | 10 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 -0,4 0,358 | - -2,1 | - -2,1 | 2 -0,4 0,338 | - -2,1 | - -2,1 | - | - | |
| H16_A0584 | <i>acrA1</i> | 51 | 9,9 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA 13 | 0,8 -0,6/1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 15 | 7 -1,1 0,078 | 3 -2,2 | 6 -1,4 | 7 -1,1 0,078 | 2 -2,6 | 3 -2,3 | - | - | |
| H16_A0586 | | 28 | 5,6 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | 1 | - -1 0,124 | - -1 | - -1 | - -1 0,124 | - -1 | - -1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0587 | | 47 | 8,7 | 2 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 1,8 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0592 | | 34 | 9,3 | 0 | -0,1 | LA/SN 45/23 | 1,8 1,1/2,5 | - | - | - | - | 40 | 79 1 0,069 | 56 0,5 | 69 0,8 | 84 1,1 0,025 | 78 1 | 52 0,4 | 2 | 5 1,6 0,126 | - -1,9 | 7 1,9 | 4 1 0,177 | - -1,9 | - -1,9 | - | - | - | |
| H16_A0602 | | 26 | 7,1 | 0 | 0,2 | LA/SN 21/19 | 1,4 0,1/3,1 | - | - | - | - | 12 | 9 -0,5 0,200 | 5 -1,2 | 6 -1 | 8 -0,6 0,247 | 15 0,2 | 10 -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0603 | <i>adk</i> | 24 | 5,8 | 0 | -0,3 | LA/SN 47/42 | 0,8 -0,2/1,7 | - | - | - | - | 26 | 33 0,3 0,165 | 38 0,6 | 29 0,1 | 39 0,6 0,240 | 52 1 | 46 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0604 | <i>kdsB</i> | 28 | 6,1 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 -0,5 0,263 | 9 1,3 | 8 1,2 | 4 0,1 0,421 | 5 0,7 | 5 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0606 | <i>lpxK</i> | 40 | 9,4 | 2 | -0,1 | - | - | - | LA 10 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 4 -0,8 0,100 | 4 -0,8 | 4 -0,8 | 7 -0,2 0,424 | - -3,9 | 2 -2,2 | - | - | |
| H16_A0607 | <i>tolR</i> | 16 | 8,7 | 1 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 15/15 | 0,4 -0,6/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 -1,2 0,149 | - -3,3 | 3 -1 | 4 -0,5 0,299 | 5 -0,1 | - -3,3 | - | - | |
| H16_A0608 | <i>tolQ</i> | 26 | 10,3 | 4 | 0,3 | - | - | - | LA/SN 27/23 | 1,1 -1,1/5 | 1 | - -0,8 0,340 | - -1,5 | - -1,5 | - -1,5 0,160 | - -1,5 | - -1,5 | 18 | 8 -1,2 0,094 | 11 -0,7 | 15 -0,3 | 6 -1,5 0,073 | 17 -0,1 | 10 -0,8 | - | - | - | | |
| H16_A0609 | <i>xseA</i> | 53 | 10,3 | 0 | -0,2 | LA 7 | -0,8 -2,1/0,4 | - | - | - | - | 3 | 2 -0,8 0,180 | 3 0,3 | - -2,4 | 3 0,3 0,369 | - -2,4 | 5 1 | 2 | - -2,0 0,032 | - -2,0 | - -2,0 | - -2,0 0,032 | - -2,0 | - -2,0 | - | - | - | |
| H16_A0610 | <i>sodA</i> | 22 | 6,6 | 0 | -0,5 | LA/SN 60/60 | 0,0 -0,5/0,6 | - | - | - | - | 105 | 110 0,1 0,428 | 99 -0,1 | 100 -0,1 | 93 -0,2 0,401 | 76 -0,5 | 130 0,3 | 1 | 8 2,9 0,198 | - -1,1 | 3 1,2 | 6 2,4 0,156 | - -1,1 | - -1,1 | - | - | - | |
| H16_A0613 | | 23 | 5,8 | 0 | -0,2 | LA 13 | - | - | - | - | - | 2 | 1 -0,6 0,208 | - -2,1 | - -2,1 | - -2,1 0,014 | - -2,1 | - -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0619 | | 23 | 5,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,2 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0641 | <i>fdsB</i> | 55 | 5,6 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,1 0,135 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0654 | | 17 | 6,2 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 5 3,2 0,140 | - | 4 3,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0665 | | 26 | 9,6 | 1 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,0 0,029 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0666 | <i>ldh</i> | 37 | 6,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 2 2 0,100 | - | - | 5 3,3 0,104 | - | - | - | - | 5 3,2 0,089 | 3 2,7 | 23 5,5 | 20 5,3 0,000 | 5 3,3 | 13 4,7 | - | - | |
| H16_A0667 | | 54 | 9,6 | 13 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 2,9 0,098 | 4 3,1 | 4 3,1 | 5 3,3 0,036 | 3 2,7 | 3 2,7 | - | - | |
| H16_A0668 | | 9 | 10,2 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,1 0,023 | - | 3 2,8 | 2 1,9 0,101 | 3 2,7 | - | - | - | |
| H16_A0669 | | 29 | 7,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 9 | 9 0 0,495 | - -4,1 | 5 -0,8 | 11 0,4 0,354 | 6 -0,5 | - -4,1 | - | 6 2,1 0,108 | 10 2,7 | 9 2,6 | 9 2,6 0,058 | 10 2,7 | 18 3,6 | - | - | - | |
| H16_A0675 | <i>modC</i> | 26 | 8,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,2 0,113 | - | - | - | - | - | |
| H16_A0677 | <i>modA</i> | 27 | 9,4 | 1 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | 3 0,4 0,394 | 2 -0,1 | - -2,2 | - -0,3 0,419 | 2 -0,3 | - -2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0680 | | 24 | 5,7 | 0 | -0,1 | LA 17 | 2,0 0,9/3,2 | - | - | - | - | 2 | 1 -0,7 0,256 | - -1,9 | - -1,9 | - -1,9 0,070 | 4 0,9 | 6 1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A0681 | | 21 | 8,2 | 0 | 0,1 | - | - | - | LA/SN 23/13 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 2 -2,3 0,009 | 4 -0,8 | 9 0,2 | 3 -1,4 0,031 | 6 -0,4 | 3 -1,3 | - | - | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--------|--|-------------------------------------|----------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (E/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (F/+O ₂) | NSC E Log ₂ (G/+O ₂) | NSC F Log ₂ (H/+O ₂) | Log ₂ (I/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A0682 | pqiB | 60 | 8,9 | 1 | -0,2 | - | - | - | - | LA/SN 7/5 | 1,0 | -0,1/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------|--|-------------------------------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------|----------|---------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------|---------------------------------------|--------|----------|----------|-------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (G/+O ₂) | NSC G | Log ₂ (H/+O ₂) | NSC H | | | |
| H16_A0777 | | 18 | 5,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0786 | | 23 | 5,4 | 0 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0787 | <i>ubiG</i> | 27 | 5,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A0788 | | 23 | 9,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 22/21 | 0,2 -1,5/2 | LA/SN 31/30 | 0,5 0,1/1 | 24 | 7 -1,8 | 0,194 | - -5,6 | 6 -2 | 5 -2,2 | 0,176 | 10 -1,3 | 5 -2,2 | 439 | 271 -0,7 | 0,198 | 144 -1,6 | 210 -1,1 | 318 -0,5 | 0,268 | 241 -0,9 | 188 -1,2 | |
| H16_A0789 | <i>gyrA</i> | 99 | 5,4 | 0 | -0,3 | LA/SN 18/16 | 0,1 -0,5/0,9 | - | - | 57 | 54 -0,1 | 0,419 | 46 -0,3 | 47 -0,3 | 54 -0,1 | 0,310 | 52 -0,1 | 42 -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0790 | | 21 | 9,4 | 0 | -0,5 | LA/SN 64/63 | 0,7 0,1/1,2 | - | - | 39 | 40 0 | 0,488 | 49 0,3 | 67 0,8 | 27 -0,5 | 0,349 | 37 -0,1 | 73 0,9 | 3 | 1 -1,3 | 0,075 | - -2,6 | 8 1,4 | 4 0,5 | 0,369 | - -2,6 | - -2,6 | |
| H16_A0791 | <i>serC</i> | 44 | 6,7 | 0 | -0,2 | SN 7 | - | - | - | 8 | 8 0 | 0,464 | 9 0,1 | 7 -0,2 | 6 -0,5 | 0,222 | 11 0,4 | - -4,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0792 | <i>pheA</i> | 43 | 6,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 18/11 | 0,1 -1,2/1,4 | - | - | 9 | 8 -0,2 | 0,335 | 6 -0,5 | - -4,2 | 7 -0,3 | 0,144 | 6 -0,5 | - -4,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0793 | <i>hisC1</i> | 40 | 5,2 | 0 | 0,0 | LA/SN 12/8 | 0,7 -0,9/2,1 | - | - | 13 | 11 -0,2 | 0,414 | 14 0,1 | 5 -1,3 | 15 0,3 | 0,358 | 6 -1 | 3 -2 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0794 | <i>tyrA</i> | 31 | 7,1 | 0 | 0,3 | - | - | LA/SN 12/16 | -0,3 -2,2/1,3 | 1 | - -1,5 | 0,028 | - -1,5 | 4 1,5 | 5 1,7 | 0,009 | 4 1,4 | 5 1,9 | 3 | 3 0,3 | 0,369 | 4 0,7 | - -2,4 | 4 0,4 | 0,333 | - -2,4 | 2 -0,8 | |
| H16_A0795 | <i>aroA</i> | 46 | 5,3 | 0 | 0,0 | LA/SN 12/13 | 0,0 -1,8/1,2 | - | - | 9 | 8 -0,2 | 0,350 | 15 0,7 | 6 -0,6 | 8 -0,2 | 0,356 | 11 0,3 | - -4,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0797 | <i>cmk</i> | 24 | 6,8 | 0 | 0,0 | LA/SN 18/33 | -0,2 -1,7/1,2 | - | - | 5 | 4 -0,4 | 0,253 | 6 0,3 | 9 0,9 | 4 -0,3 | 0,381 | - -3,3 | 4 -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0798 | <i>rpsA</i> | 62 | 5,3 | 0 | -0,3 | LA/SN 43/47 | -0,6 -0,9/-0,1 | LA/SN 17/20 | -0,6 -1,4/0,5 | 274 | 247 -0,2 | 0,364 | 168 -0,7 | 180 -0,6 | 154 -0,8 | 0,061 | 125 -1,1 | 216 -0,3 | 50 | 37 -0,5 | 0,179 | 37 -0,5 | 25 -1 | 35 -0,5 | 0,216 | 76 0,6 | 29 -0,8 | |
| H16_A0800 | | 12 | 11,6 | 2 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - -1,5 | 0,183 | - -2,3 | - -2,3 | - -2,3 | 0,100 | - -2,3 | - -2,3 | |
| H16_A0801 | | 46 | 5,4 | 1 | -0,3 | - | - | LA/SN 24/14 | 0,0 -1,5/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 14 | 7 -1 | 0,036 | 10 -0,5 | 11 -0,3 | 11 -0,4 | 0,102 | 10 -0,5 | 10 -0,4 | |
| H16_A0802 | <i>ugd</i> | 50 | 5,9 | 0 | -0,1 | - | - | LA/SN 11/9 | -0,2 -1,3/1,1 | 8 | 2 -2,1 | 0,023 | - -4,0 | - -4,0 | 6 -0,5 | 0,252 | - -4,0 | - -4,0 | 9 | 3 -1,6 | 0,065 | 11 0,3 | 3 -1,3 | 2 -2,4 | 0,040 | 7 -0,2 | 9 0 | |
| H16_A0803 | <i>hldA</i> | 34 | 7,0 | 0 | -0,1 | LA/SN 11/7 | 0,7 -1,4/2,7 | LA 7 | 1,1 -0,1/2,4 | 6 | 2 -1,7 | 0,016 | - -3,7 | 10 0,7 | 9 0,6 | 0,196 | 4 -0,8 | 4 -0,6 | - | 6 3 | 0,169 | 4 2,5 | 5 2,8 | 13 4,1 | 0,124 | 6 2,9 | 10 3,6 | |
| H16_A0804 | <i>hldD</i> | 37 | 6,3 | 0 | -0,3 | LA/SN 35/23 | 0,5 -0,4/1,7 | - | - | 12 | 11 -0,1 | 0,388 | 15 0,3 | 17 0,5 | 13 0,1 | 0,421 | 19 0,6 | 12 -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0806 | | 44 | 8,0 | 11 | 1,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 -0,4 | 0,250 | - -2,2 | 3 0,5 | 3 0,1 | 0,390 | 3 0,5 | 2 0 | |
| H16_A0807 | <i>cysK1</i> | 32 | 5,4 | 0 | -0,2 | LA/SN 23/21 | 0,3 -0,8/1,3 | - | - | 17 | 21 0,3 | 0,341 | 34 1 | 23 0,4 | 14 -0,3 | 0,159 | 26 0,5 | 45 1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0808 | <i>mltB</i> | 41 | 8,7 | 1 | -0,2 | LA/SN 8/6 | 0,6 -0,5/1,7 | - | - | 4 | 2 -0,6 | 0,226 | 7 1 | - -2,9 | - -1,3 | 0,137 | 4 -0,1 | - -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0810 | | 29 | 6,9 | 0 | 0,1 | LA 9 | - | - | - | 2 | 3 0,5 | 0,074 | - -1,9 | 5 1,5 | 2 -0,1 | 0,365 | - -1,9 | 5 1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0811 | | 37 | 7,3 | 0 | 0,1 | - | - | LA/SN 21/23 | -1,9 -3,5/-0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | 11 0,2 | 0,272 | 4 -1,1 | 10 0,2 | 14 0,5 | 0,136 | 8 -0,2 | 7 -0,4 | |
| H16_A0813 | | 29 | 9,4 | 0 | -0,2 | LA/SN 17/16 | -0,6 -1,6/0,5 | - | - | 5 | 12 1,3 | 0,027 | 11 1,1 | 15 1,6 | 11 1,1 | 0,082 | 5 0,2 | 13 1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0814 | <i>fixA</i> | 27 | 8,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 55/51 | 0,7 0,2/1,1 | LA/SN 11/11 | 0,3 -1,2/2,3 | 66 | 50 -0,4 | 0,300 | 50 -0,4 | 89 0,4 | 61 -0,1 | 0,377 | 66 0 | 89 0,4 | - | 5 3,4 | 0,074 | - - | 3 2,4 | 8 4,0 | 0,137 | - - | 2 2,2 | |
| H16_A0815 | <i>fixB</i> | 31 | 5,2 | 0 | 0,3 | LA/SN 22/28 | 0,7 0/1,6 | - | - | 33 | 31 -0,1 | 0,446 | 45 0,4 | 80 1,3 | 48 0,5 | 0,265 | 51 0,6 | 63 0,9 | - | 3 2,6 | 0,122 | - - | - - | 4 2,9 | 0,154 | - - | - | |
| H16_A0816 | | 63 | 5,7 | 0 | 0,0 | LA/SN 25/20 | 1,2 0,2/2,1 | - | - | 23 | 19 -0,3 | 0,053 | 43 0,9 | 22 -0,1 | 18 -0,4 | 0,107 | 35 0,6 | 15 -0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A0817 | <i>dadA1</i> | 47 | 8,4 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 11 | 4,4 | 0,034 | - - | 27 5,7 | 13 4,7 | 0,036 | 7 3,7 | 2 2,2 |
| H16_A0842 | | 25 | 9,6 | 0 | -0,2 | LA/SN 11/12 | 0,8 -0,5/2,1 | - | - | 2 | 2 -0,1 | 0,416 | - -2,1 | - -2,1 | 2 -0,4 | 0,346 | - -2,1 | - -2,1 | 1 | - -1,5 | 0,127 | - -1,5 | - -1,5 | - -1,5 | 0,127 | - -1,5 | - -1,5 | |
| H16_A0883 | | 44 | 7,1 | 0 | -0,1 | - | - | LA 13 | 2,7 1,7/3,8 | 5 | 2 -1,5 | 0,090 | - -3,4 | - -3,4 | 2 -1,5 | 0,089 | - -3,4 | - -3,4 | - | - | - | 12 4 | 3 1,8 | 1 0,5 | 0,380 | 9 3,6 | 12 4 | |
| H16_A0884 | | 31 | 6,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 3,1 | 3 2,8 | - - | - | 4 3,0 | 2 2,2 | |
| H16_A0890 | | 17 | 10,1 | 4 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,3 | - | |
| H16_A0894 | <i>rpsP</i> | 9 | 11,2 | 0 | -0,3 | LA/SN 39/39 | -0,7 -1,5/0,1 | LA/SN 39/39 | -0,3 -1,4/0,8 | 4 | 8 1,1 | 0,257 | 13 1,8 | 3 -0,3 | - -0,1 | 0,476 | - -2,9 | 10 1,5 | - | 9 2,6 | 0,061 | - - | - - | 6 1,9 | 0,110 | - - | - | |
| H16_A0897 | <i>rplS</i> | 14 | 10,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 45/45 | -0,6 -1,5/0,2 | LA/SN 45/45 | -0,8 -1,4/-0,2 | 19 | 22 0,2 | 0,454 | 38 1 | 18 -0,1 | - 0 | 0,498 | 52 1,4 | 69 1,8 | 9 | 23 1,4 | 0,093 | 13 0,5 | 12 0,4 | 29 1,7 | 0,110 | 4 -1,1 | 14 0,7 | |
| H16_A0898 | | 25 | 5,8 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - -2,1 | 0,093 | - -2,1 | 3 0,3 | - -1,6 | 0,168 | - -2,1 | 3 0,6 | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|--|-------------------------------------|--------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A0948 | | 22 | 6,8 | 0 | -0,1 | LA/SN 15/15 | 0,1 -1,3/1,4 | - | - | - | - | 4 | 3 | -0,1 | 0,454 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -1,8 | 0,077 | 3 | -0,4 | - | -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------------|----------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|--|---------------------------------------|------|------|-------|-------|------|------|------|-------|------|-------|-------|------|------|------|------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A1004 | | 38 | 9,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 32/25 | 0,4 | -0,6/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 14 | 15 | 0,1 | 0,405 | 29 | 1,1 | 21 | 0,6 | 11 | -0,3 | 0,341 | 34 | 1,3 | 22 | 0,7 | | | | | | | |
| H16_A1005 | | 19 | 5,8 | 0 | -0,2 | LA | 18 | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,2 | 0,431 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | |
| H16_A1006 | | 36 | 6,3 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,108 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | |
| H16_A1010 | | 44 | 8,9 | 7 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - | -1,1 | 0,186 | - | -2,5 | - | -2,5 | 1 | -1,3 | 0,060 | - | -2,5 | - | -2,5 | | | | | | | |
| H16_A1012 | | 44 | 9,9 | 4 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 12 | 4,6 | 0,056 | 3 | 2,7 | 29 | 5,9 | 12 | 4,5 | 0,031 | 24 | 5,6 | 14 | 4,8 | | | | | | | |
| H16_A1013 | <i>guaD</i> | 49 | 5,9 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,9 | 0,119 | 6 | 0,9 | - | -2,8 | 3 | -0,1 | 0,469 | 5 | 0,6 | - | -2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1014 | <i>add</i> | 39 | 5,2 | 0 | -0,1 | LA/SN 12/14 | 1,7 | -0,6/5 | - | - | - | 10 | 6 | -0,7 | 0,212 | 9 | -0,2 | 6 | -0,7 | 6 | -0,7 | 0,219 | 7 | -0,4 | 4 | -1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1016 | <i>xdhB1</i> | 90 | 7,1 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,7 | 0,311 | - | -2,2 | - | -2,2 | 1 | -2,2 | 0,132 | - | -2,2 | - | -2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1017 | <i>xdhA1</i> | 54 | 5,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | 0,3 | 0,430 | - | - | - | 1 | 0,1 | 0,485 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1018 | | 36 | 8,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,9 | 0,070 | - | -1,9 | - | -1,9 | 1 | -0,8 | 0,234 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1019 | | 30 | 9,4 | 0 | -0,1 | LA | 31 | 5,0 | 3,6/5 | - | - | 11 | 6 | -0,8 | 0,162 | 4 | -1,4 | - | -4,5 | 10 | -0,2 | 0,429 | 3 | -2 | - | -4,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1020 | | 40 | 6,6 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -1,2 | 0,222 | - | -2,1 | - | -2,1 | 2 | -0,2 | 0,435 | - | -2,1 | - | -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1022 | <i>lolE</i> | 92 | 10,2 | 10 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1024 | | 23 | 5,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 22/19 | 0,6 | -0,8/1,6 | - | - | - | 13 | 7 | -0,9 | 0,089 | 5 | -1,2 | 5 | -1,3 | 5 | -1,3 | 0,087 | 7 | -0,8 | - | -4,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | |
| H16_A1025 | | 21 | 7,0 | 0 | 0,0 | LA | 12 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A1026 | | 30 | 6,8 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,8 | 0,266 | - | -2,1 | - | -2,1 | 2 | -0,2 | 0,443 | 3 | 0,4 | - | -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | |
| H16_A1035 | <i>ilvB</i> | 64 | 6,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 6/5 | 0,2 | -1,1/1,5 | - | - | - | 18 | 14 | -0,4 | 0,178 | 15 | -0,3 | 11 | -0,7 | 15 | -0,2 | 0,255 | 6 | -1,5 | 5 | -1,8 | - | 5 | 3,3 | 0,189 | 4 | 3,1 | - | - | 2 | 2,3 | - | - | | | | |
| H16_A1036 | <i>ilvH</i> | 18 | 6,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 45/45 | 0,1 | -1/0,8 | - | - | - | 13 | 18 | 0,5 | 0,328 | 12 | -0,2 | 33 | 1,3 | - | -0,7 | 0,290 | 19 | 0,5 | 25 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | |
| H16_A1037 | <i>ilvC</i> | 36 | 6,4 | 0 | -0,2 | LA/SN 28/36 | -0,4 | -1,1/0,2 | LA/SN 28/31 | -0,4 | -0,9/0,2 | 59 | 50 | -0,3 | 0,314 | 56 | -0,1 | 60 | 0 | 56 | -0,1 | 0,431 | 57 | -0,1 | 43 | -0,5 | 20 | 45 | 1,1 | 0,031 | 28 | 0,5 | 25 | 0,3 | 37 | 0,9 | 0,055 | 50 | 1,3 | 28 | 0,5 | |
| H16_A1038 | <i>psd</i> | 24 | 9,5 | 1 | 0,1 | - | - | - | LA/SN 26/26 | -0,4 | -1/0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 6 | -0,5 | 0,237 | 9 | 0,2 | 12 | 0,7 | 4 | -1 | 0,147 | 11 | 0,5 | 11 | 0,5 | |
| H16_A1040 | | 18 | 5,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | LA/SN 27/15 | 2,0 | 0/4,5 | - | 6 | 3,7 | 0,119 | 5 | 3,5 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,5 | 2 | 2,2 | 10 | 11 | 0 | 0,473 | 32 | 1,6 | 15 | 0,5 | 11 | 0,1 | 0,429 | 19 | 0,9 | 25 | 1,3 |
| H16_A1041 | <i>leuA1</i> | 56 | 5,5 | 0 | -0,2 | LA/SN 34/26 | 2,4 | 1,5/3,1 | LA | 12 | 1,6 | 0,3/3,5 | 56 | 104 | 0,9 | 0,074 | 97 | 0,8 | 67 | 0,3 | 70 | 0,3 | 0,237 | 109 | 0,9 | 127 | 1,2 | 14 | 14 | 0 | 0,464 | - | -4,8 | 8 | -0,9 | 18 | 0,3 | 0,222 | 9 | -0,7 | 2 | -2,6 |
| H16_A1042 | | 20 | 8,1 | 1 | -0,4 | - | - | - | LA/SN 21/13 | 1,3 | 0,4/2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | 4 | -1,3 | 0,090 | - | -4,2 | 5 | -0,8 | 4 | -1,4 | 0,080 | 3 | -1,5 | 4 | -1,2 | |
| H16_A1043 | | 46 | 9,2 | 1 | -0,2 | LA/SN 10/10 | 0,1 | -1,1/1,8 | - | - | - | 8 | 12 | 0,6 | 0,175 | 4 | -0,8 | 5 | -0,6 | 12 | 0,7 | 0,240 | 9 | 0,3 | - | -3,9 | - | 2 | 2,1 | 0,073 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1044 | <i>rpsO</i> | 10 | 10,7 | 0 | -0,7 | LA/SN 30/30 | -0,6 | -1,5/0,4 | - | - | - | 9 | 7 | -0,5 | 0,371 | 12 | 0,4 | 7 | -0,4 | - | -1,5 | 0,178 | - | -4,2 | 20 | 1,1 | - | 3 | 2,1 | 0,072 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1045 | <i>pnp</i> | 78 | 5,9 | 0 | -0,1 | LA/SN 27/25 | 0,0 | -0,6/0,6 | LA/SN 30/24 | 0,0 | -0,8/0,8 | 79 | 87 | 0,1 | 0,221 | 119 | 0,6 | 59 | -0,4 | 66 | -0,3 | 0,171 | 102 | 0,4 | 98 | 0,3 | 74 | 29 | -1,4 | 0,167 | 13 | -2,5 | 47 | -0,7 | 0,265 | 20 | -1,9 | 32 | -1,2 | | | |
| H16_A1046 | | 35 | 5,9 | 0 | 0,1 | LA/SN 20/17 | 1,1 | -0,1/3 | - | - | - | 18 | 10 | -0,8 | 0,020 | 14 | -0,4 | 13 | -0,4 | 12 | -0,5 | 0,033 | 13 | -0,5 | 15 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1047 | <i>tim</i> | 25 | 5,6 | 0 | 0,2 | LA/SN 22/29 | -0,3 | -1,4/1,1 | - | - | - | 14 | 20 | 0,5 | 0,142 | 10 | -0,6 | 21 | 0,6 | 12 | -0,2 | 0,397 | 22 | 0,6 | 15 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1051 | <i>nuoB</i> | 18 | 8,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA | 13 | -0,3 | -1,3/0,9 | - | 1 | 1,5 | 0,136 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 8 | 0,2 | 0,376 | - | -3,8 | - | -3,8 | - | -3,8 | 0,059 | 6 | -0,3 | - | -3,8 | |
| H16_A1052 | <i>nuoC</i> | 23 | 5,1 | 0 | -0,2 | LA/SN 10/10 | -0,7 | -1,8/0,5 | LA/SN 23/21 | 0,0 | -0,9/1 | 4 | 3 | -0,4 | 0,377 | 5 | 0,2 | - | -3,2 | - | -3,2 | 0,138 | - | -3,2 | - | -3,2 | 12 | 13 | 0,2 | 0,429 | 15 | 0,4 | 11 | 0 | 14 | 0,2 | 0,270 | 7 | -0,8 | 15 | 0,4 | |
| H16_A1053 | <i>nuoD</i> | 48 | 6,4 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA/SN 21/22 | 0,0 | -1,4/0,8 | 2 | 2 | -0,3 | 0,419 | 6 | 1,5 | - | -2,2 | 1 | -0,6 | 0,334 | 5 | 1,3 | - | -2,2 | 39 | 41 | 0,1 | 0,454 | 28 | -0,5 | 52 | 0,4 | 46 | 0,2 | 0,258 | 24 | -0,7 | 30 | -0,4 | |
| H16_A1055 | <i>nuoF</i> | 48 | 6,7 | 0 | -0,3 | LA/SN 4/4 | -1,2 | -2,5/0,1 | LA/SN 7/7 | 0,3 | -0,9/1,4 | 7 | 8 | 0,2 | 0,362 | 11 | 0,7 | 6 | -0,1 | 7 | 0,1 | 0,438 | 7 | 0,2 | 3 | -1,1 | 8 | 9 | 0,2 | 0,413 | 4 | -0,9 | 3 | -1,2 | 8 | 0,1 | 0,461 | 4 | -1 | 4 | -1 | |
| H16_A1056 | <i>nuoG</i> | 84 | 6,5 | 0 | 0,0 | LA/SN 7/11 | -0,2 | -1,5/1,2 | LA/SN 28/24 | -0,2 | -1,2/0,4 | 29 | 23 | -0,3 | 0,335 | 30 | 0,1 | 27 | -0,1 | 29 | 0 | 0,475 | 18 | -0,7 | 9 | -1,6 | 26 | 60 | 1,2 | 0,048 | 33 | 0,4 | 38 | 0,6 | 55 | 1,1 | 0,012 | 35 | 0,4 | 48 | 0,9 | |
| H16_A1057 | <i>nuoH</i> | 39 | 8,1 | 8 | 0,9 | - | - | - | LA/SN 9/9 | -0,2 | -2,1/1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 5 | 0,1 | 0,452 | 12 | 1,5 | 12 | 1,6 | 5 | 0,3 | 0,415 | 10 | 1,3 | 6 | 0,4 | |
| H16_A1058 | <i>nuoI</i> | 18 | 7,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 33/28 | 0,0 | -1/2,1 | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 15 | 15 | 0,1 | 0,416 | 23 | 0,6 | 24 | 0,7 | 17 | 0,2 | 0,355 | 20 | 0,4 | 20 | 0,4 | |
| H16_A1059 | <i>nuoJ</i> | 24 | 8,9 | 5 | 0,8 | - | - | - | LA/SN 15/15 | -0,5 | -2,7/1,4 | 2 | - | -2,2 | 0,136 | - | -2,2 | - | -2,2 | - | -2,2 | 0,136 | - | -2,2 | - | -2,2 | 15 | 11 | -0,5 | 0,172 | 14 | -0,1 | 13 | -0,2 | 16 | 0,1 | 0,431 | 13 | -0,2 | 13 | -0,2 | |
| H16_A1060 | <i>nuoK</i> | 11 | 5,1 | 3 | 1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,2 | 0,092 | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 0,168 | - | - | - | - | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|-------------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--------|--|-------------------------------------|--------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A1061 | <i>nuoL</i> | 76 | 6,8 | 16 | 0,7 | - | - | - | - | LA/SN 7/9 | -0,1 -1,4/1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--|---------------------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | p-Wert | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | p-Wert | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A1131 | | 62 | 5,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 4/4 | - | - | - | - | - | 4 | 2 | -0,9 | 0,066 | 5 | 0,5 | - | -2,9 | 2 | -1 | 0,103 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------------|---------------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---|---|--|--|---|--|--|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | |
| H16_A1187 | | 11 | 6,8 | 0 | -0,3 | LA/SN 33/21 | 0,6 -0,8/2,2 | - | - | - | - | 1 | 2 0,9 0,275 | 15 3,6 | 6 2,3 | - 2,1 0,261 | - -1,3 | 5 2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1188 | <i>eno</i> | 46 | 4,8 | 0 | -0,1 | LA/SN 33/31 | 0,0 -0,6/0,6 | LA/SN 21/21 | 0,5 -1,2/1,4 | 69 | 53 -0,4 0,129 | 62 -0,2 | 53 -0,4 | 52 -0,4 0,084 | 61 -0,2 | 3 -4,5 | 14 | 8 -0,8 0,051 | - -4,8 | 9 -0,7 | 10 -0,4 0,130 | 3 -2,1 | 2 -2,6 | - | - | - | - | |
| H16_A1189 | | 12 | 9,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 2 -1,3 0,117 | - -3,6 | 3 -0,8 | 3 -1 0,152 | - -3,6 | - -3,6 | - | - | - | - | |
| H16_A1191 | | 36 | 5,6 | 0 | -0,1 | LA/SN 12/13 | -0,3 -1,6/1,2 | - | - | - | - | 8 | 5 -0,6 0,135 | 10 0,3 | - -3,9 | 8 0,1 0,430 | - -3,9 | 3 -1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1192 | | 18 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 22/22 | 0,5 -0,6/1,5 | - | - | - | - | 8 | 8 0,1 0,429 | 9 0,1 | 14 0,9 | 9 0,2 0,292 | 7 -0,1 | 10 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1197 | | 63 | 5,8 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 0,2 0,415 | - -1,9 | - -1,9 | 2 0 0,497 | - -1,9 | - -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1199 | <i>trxB1</i> | 39 | 6,3 | 0 | 0,0 | LA/SN 7/7 | -0,2 -2,2/1,5 | - | - | - | - | 6 | 13 1,2 0,017 | 7 0,4 | 11 1 | 22 2 0,098 | 14 1,3 | - -3,5 | - | - | - | 5 3,4 | - | - | - | 2 2,2 | - | |
| H16_A1200 | | 30 | 6,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | 1 0,9 0,096 | - | - | 2 2,1 0,039 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1202 | | 24 | 9,2 | 5 | 0,9 | - | - | - | LA/SN 11/11 | 0,2 -1,1/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 3 -0,2 0,431 | - -2,6 | 3 -0,2 | 4 0,3 0,330 | - -2,6 | 5 0,6 | - |
| H16_A1203 | | 20 | 7,5 | 0 | 0,1 | LA/SN 14/14 | 0,5 -0,8/1,7 | - | - | - | - | 2 | 3 0,1 0,474 | 3 0,4 | 4 0,7 | - -1 0,229 | 3 0,2 | - -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1204 | <i>dapA1</i> | 31 | 6,2 | 0 | 0,1 | LA/SN 35/35 | 0,5 -0,4/1,2 | - | - | - | - | 22 | 22 0 0,476 | 51 1,2 | 37 0,8 | 24 0,1 0,398 | 42 1 | 36 0,7 | - | 2 1,8 0,136 | - | - | - | - | 2 2,3 | - | - | |
| H16_A1205 | | 45 | 9,2 | 0 | -0,6 | - | - | - | LA/SN 36/26 | 0,3 -0,5/1 | 4 | 6 0,4 0,317 | 7 0,8 | - -3,1 | 2 -1 0,173 | - -3,1 | 4 -0,1 | 41 | 36 -0,2 0,154 | 37 -0,2 | 62 0,6 | 38 -0,1 0,418 | 28 -0,6 | 38 -0,1 | - | - | | |
| H16_A1207 | | 41 | 5,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | 4 0,9 0,236 | 2 0 | - -2,1 | 4 1 0,212 | - -2,1 | 5 1,3 | 4 | - -2,8 0,042 | - -2,8 | - -2,8 | 2 -1,2 0,106 | 2 -1,1 | - -2,8 | - | - | |
| H16_A1208 | <i>slpA</i> | 21 | 4,3 | 0 | -0,6 | - | - | - | - | - | - | 6 | 3 -1,3 0,092 | 6 0 | 2 -1,6 | 8 0,3 0,298 | - -3,6 | - -3,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1210 | <i>mutS</i> | 98 | 5,8 | 0 | -0,1 | LA/SN 9/8 | 0,5 -0,6/1,6 | - | - | - | - | 16 | 14 -0,2 0,394 | 11 -0,6 | 18 0,2 | 22 0,5 0,219 | 12 -0,4 | 18 0,2 | 1 | 7 2,4 0,098 | - -1,5 | - -1,5 | 7 2,4 0,015 | 11 2,9 | 4 1,5 | - | - | |
| H16_A1211 | | 16 | 8,3 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 5 3,3 0,112 | - | - | - | - | 14 4,8 | 4 | 31 3 0,051 | 34 3,2 | 61 4 | 42 3,5 0,054 | 35 3,2 | 53 3,8 | - | - | |
| H16_A1212 | | 42 | 9,3 | 0 | -0,6 | - | - | - | - | - | - | - | 9 4,1 0,021 | - | - | 11 4,5 0,064 | - | 5 3,4 | - | 30 5,9 0,053 | 25 5,6 | 27 5,7 | 39 6,3 0,009 | 25 5,7 | 29 5,9 | - | - | |
| H16_A1214 | <i>suhB</i> | 30 | 5,7 | 0 | -0,2 | LA/SN 20/29 | -0,3 -1,3/0,6 | LA/SN 11/7 | - | - | 10 | 10 0 0,466 | 9 -0,2 | 16 0,7 | 10 0 0,496 | 13 0,4 | 22 1,2 | 4 | 4 -0,2 0,267 | 3 -0,4 | 3 -0,3 | 4 0 0,487 | 6 0,4 | 3 -0,5 | - | - | | |
| H16_A1216 | <i>cysE</i> | 27 | 8,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 15/19 | 0,5 -0,6/1,8 | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 6 0 0,452 | 5 -0,1 | 9 0,5 | 9 0,6 0,123 | 7 0,2 | 3 -0,9 | - | - | - | |
| H16_A1218 | <i>ppiB</i> | 18 | 6,1 | 0 | -0,3 | LA/SN 44/44 | 0,6 0/1,3 | LA/SN 13/13 | - | - | 25 | 24 -0,1 0,478 | 32 0,4 | 48 0,9 | 14 -0,8 0,252 | 36 0,5 | 58 1,2 | - | 4 3,1 0,059 | - | 5 3,4 | 3 2,4 0,168 | - | - | - | - | - | |
| H16_A1219 | <i>ppiA</i> | 21 | 9,5 | 1 | 0,0 | LA/SN 35/35 | 0,4 -0,7/1,5 | - | - | - | - | 4 | 8 1 0,252 | 13 1,6 | 13 1,7 | - 0,1 0,479 | 15 1,8 | 15 1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1221 | <i>cysS</i> | 52 | 6,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 15/17 | -0,5 -2/0,8 | - | - | - | - | 12 | 9 -0,4 0,109 | 11 -0,2 | 8 -0,5 | 8 -0,5 0,068 | 3 -2,1 | 16 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1222 | | 31 | 8,7 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,2 0,115 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1223 | <i>accA1</i> | 36 | 6,7 | 0 | -0,2 | LA/SN 30/21 | -0,1 -2,7/1,6 | LA/SN 15/7 | 0,3 -1,4/1,4 | 14 | 4 -1,9 0,018 | 4 -1,7 | - -4,8 | 6 -1,3 0,040 | 3 -2,4 | 4 -1,8 | 6 | - -3,7 0,140 | 5 -0,2 | 3 -1,3 | - -1,4 0,236 | 2 -1,4 | - -3,7 | - | - | - | | |
| H16_A1225 | <i>lysC</i> | 45 | 5,1 | 0 | 0,0 | LA/SN 33/35 | -0,1 -0,5/0,5 | LA/SN 15/14 | -0,2 -1,4/1,3 | 45 | 35 -0,4 0,245 | 49 0,1 | 88 1 | 42 -0,1 0,406 | 55 0,3 | 67 0,6 | 11 | 7 -0,6 0,256 | 5 -1 | - -4,5 | 6 -1 0,107 | 29 1,4 | 10 -0,1 | - | - | - | | |
| H16_A1232 | | 30 | 8,8 | 0 | 0,1 | LA 8 | - | - | - | - | 2 | - -1,9 0,070 | 4 1,1 | - -1,9 | 2 -0,1 0,477 | 4 0,9 | 4 1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1248 | | 124 | 7,9 | 2 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | - -3,5 0,077 | - -3,5 | - -3,5 | - -3,5 0,077 | 3 -0,8 | 3 -0,8 | - | - | - | |
| H16_A1251 | <i>pyc</i> | 128 | 6,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | 3 | - -2,5 0,054 | - -2,5 | - -2,5 | 1 -0,9 0,197 | - -2,5 | - -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1263 | | 30 | 6,7 | 0 | -0,3 | LA 8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,6 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1292 | | 104 | 7,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 0,1 | 2 0,1 | - | - | |
| H16_A1299 | | 27 | 7,7 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | 2 | 2 0,5 0,362 | - -1,7 | 8 2,4 | - -0,5 0,353 | - -1,7 | - -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1307 | <i>glcD2</i> | 51 | 6,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | 2 | - -1,9 0,070 | - -1,9 | - -1,9 | - -1,9 0,070 | - -1,9 | - -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1310 | <i>rbn</i> | 49 | 10,1 | 6 | 0,3 | - | - | - | LA 6 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 1 -1,3 0,086 | - -2,5 | - -2,5 | 2 -0,6 0,244 | - -2,5 | - -2,5 | - | - | - | |
| H16_A1312 | | 29 | 7,6 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | 4 | 3 -0,8 0,097 | - -3,2 | 6 0,4 | 2 -0,9 0,082 | 4 -0,3 | - -3,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1313 | <i>metY1</i> | 47 | 6,7 | 0 | 0,0 | LA 5 | - | - | - | - | 8 | 4 -0,9 0,212 | 14 0,9 | 6 -0,3 | 6 -0,3 0,383 | 7 -0,1 | - -3,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1314 | | 17 | 5,2 | 0 | -0,1 | LA/SN 30/30 | 1,1 -1,9/2,9 | - | - | - | 7 | 4 -0,8 0,271 | 9 0,4 | 12 0,9 | - -0,4 0,407 | - -3,7 | 14 1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1315 | | 69 | 9,6 | 11 | 0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - -2,1 0,093 | - -2,1 | - -2,1 | - -2,1 0,093 | - -2,1 | - -2,1 | - | - | - | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-----------------|--------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-----------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | ØNSC A | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | ØNSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A1387 | <i>glcD3</i> | 51 | 5,2 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|---------------|--|-------------------------------------|---------------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|--|--|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) |
| H16_A1455 | <i>mfd</i> | 128 | 6,3 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 8 | 4 -0,9 0,212 | - -4,0 | - -4,0 | 4 -1,1 0,150 | - -4,0 | - -4,0 | - | - | - | - | 2 0,8 | - | - | 2 0,7 | 2 1,3 |
| H16_A1456 | | 28 | 6,0 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | - -2,2 0,055 | 3 0,5 | - -2,2 | - -1,1 0,221 | - -2,2 | - -2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1457 | | 18 | 6,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 4 | - -3 0,132 | - -3,1 | 3 -0,4 | - -3,1 0,111 | - -3,1 | - -3,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1458 | | 21 | 7,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 1 | 2 0,6 0,221 | - -1,4 | 4 1,7 | - 0,3 0,437 | - -1,4 | - -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1459 | | 18 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 19/16 | 1,0 -0,2/2,4 | LA/SN 20/12 | 1,0 -0,1/2,2 | 8 | 3 -1,6 0,085 | - -4,0 | 11 0,5 | - -0,8 0,274 | 12 0,6 | 20 1,3 | 8 | 9 0,2 0,406 | 12 0,7 | 5 -0,5 | 7 -0,2 0,418 | 7 -0,2 | - -3,9 | | | | |
| H16_A1460 | | 20 | 5,3 | 0 | -0,3 | LA/SN 45/36 | 0,7 -0,1/1,3 | LA/SN 15/13 | 1,5 0,3/3,1 | 34 | 32 -0,1 0,466 | 27 -0,3 | 67 1 | 28 -0,3 0,395 | 30 -0,2 | 32 -0,1 | 3 | 9 1,4 0,223 | 39 3,6 | 38 3,5 | 11 1,8 0,210 | 38 3,5 | 43 3,7 | | | | |
| H16_A1462 | | 50 | 6,5 | 2 | 0,0 | - | - | - | LA 8 | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3 -0,7 0,192 | 3 -0,7 | 5 0 | 4 -0,2 0,364 | 5 -0,1 | - -3,3 | | | | |
| H16_A1463 | | 27 | 6,1 | 0 | -0,3 | LA/SN 22/17 | 0,5 -1,8/2,2 | - | - | - | 10 | 9 -0,1 0,393 | 7 -0,5 | 9 -0,2 | 21 1 0,116 | 12 0,2 | 9 -0,1 | - | 5 3,4 0,147 | - | 3 2,4 | 3 2,4 0,011 | 6 3,5 | 5 3,2 | | | |
| H16_A1465 | | 44 | 5,8 | 0 | 0,2 | LA/SN 7/7 | 0,7 -1,4/3 | - | - | - | 3 | 3 0 0,483 | 4 0,7 | - -2,4 | 1 -0,8 0,142 | 5 1,1 | - -2,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1466 | | 38 | 8,5 | 0 | -0,4 | - | - | - | LA/SN 8/8 | 0,1 -1,1/1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - -3,0 0,008 | - -3,0 | 4 0,1 | - -3,0 0,008 | - -3,0 | - -3,0 | |
| H16_A1467 | <i>acrA3</i> | 39 | 9,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 14/6 | 2,2 0,9/3,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 11 | 14 0,4 0,216 | 12 0,1 | 18 0,7 | 11 0 0,484 | 18 0,7 | 13 0,2 | |
| H16_A1468 | <i>acrB3</i> | 114 | 8,4 | 12 | 0,3 | - | - | - | LA 13 | 1,7 0,8/2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 16 | 18 0,2 0,413 | 15 -0,1 | 28 0,8 | 18 0,2 0,414 | 26 0,7 | 24 0,6 | |
| H16_A1480 | | 32 | 7,2 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | 1 | - -1,1 0,094 | - -1,1 | - -1,1 | - -1,1 0,094 | - -1,1 | - -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1481 | | 70 | 7,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,1 0,135 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A1482 | <i>tig</i> | 51 | 5,2 | 0 | -0,6 | LA/SN 45/47 | -0,5 -0,8/0 | LA/SN 6/9 | -0,2 -1,4/1,1 | 70 | 115 0,7 0,116 | 118 0,7 | 84 0,3 | 80 0,2 0,187 | 102 0,5 | 98 0,5 | 8 | 19 1,2 0,281 | 5 -0,6 | 8 0 | 11 0,4 0,339 | 8 0 | 3 -1,3 | | | | |
| H16_A1483 | <i>clpP</i> | 23 | 5,3 | 0 | -0,1 | LA/SN 30/30 | 0,7 0/1,5 | SN 12 | - | - | 30 | 25 -0,3 0,264 | 28 -0,1 | 32 0,1 | 15 -1 0,175 | 26 -0,2 | 35 0,2 | 5 | - -3,2 0,012 | - -3,2 | 5 0,2 | 5 0,2 0,377 | - -3,2 | - -3,2 | | | |
| H16_A1484 | <i>clpX</i> | 47 | 5,7 | 0 | -0,2 | LA/SN 14/17 | 0,3 -1,3/1,6 | LA/SN 20/21 | 0,5 -0,4/1,5 | 22 | 11 -1 0,065 | 5 -2,1 | 19 -0,2 | 21 -0,1 0,434 | 6 -1,8 | 3 -2,8 | 12 | 18 0,6 0,164 | 15 0,4 | 11 -0,1 | 17 0,5 0,193 | 18 0,6 | 14 0,3 | | | | |
| H16_A1485 | <i>lon</i> | 89 | 6,8 | 0 | -0,3 | LA/SN 18/12 | 0,4 -1,7/1,8 | LA/SN 36/31 | 0,4 0/0,9 | 38 | 22 -0,8 0,048 | 4 -3,1 | 15 -1,3 | 27 -0,5 0,062 | 17 -1,1 | 13 -1,6 | 51 | 30 -0,8 0,229 | 108 1,1 | 68 0,4 | 29 -0,8 0,223 | 64 0,3 | 67 0,4 | | | | |
| H16_A1493 | | 34 | 7,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 8/11 | 2,1 0,6/3,6 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 -0,1 0,480 | 3 0,4 | 3 0 | 4 0,7 0,214 | - -2,3 | 2 -0,7 | | | | |
| H16_A1499 | | 71 | 8,0 | 1 | -0,4 | - | - | - | LA/SN 35/32 | 0,1 -0,4/0,8 | 8 | 2 -1,9 0,219 | 3 -1,3 | - -3,9 | 6 -0,5 0,383 | 4 -1,1 | 2 -1,9 | 108 | 88 -0,3 0,101 | 110 0 | 97 -0,2 | 92 -0,2 0,143 | 92 -0,2 | 92 -0,2 | | | |
| H16_A1500 | | 24 | 10,0 | 1 | 0,0 | LA 11 | - | - | - | - | 3 | 1 -1,4 0,128 | - -2,8 | - -2,8 | - -2,8 0,061 | - -2,8 | - -2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1501 | | 25 | 5,4 | 0 | 0,2 | - | - | - | LA 14 | 2,0 0,9/3,2 | - | 1 1,4 0,100 | - | - | - | - | - | - | 6 | 3 -1,3 0,041 | - -3,7 | 4 -0,6 | 4 -0,6 0,142 | - -3,7 | 4 -0,7 | | |
| H16_A1502 | <i>pgi1</i> | 60 | 7,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | 2 | 2 0 0,493 | - -2,3 | - -2,3 | 3 0,3 0,317 | - -2,3 | - -2,3 | 2 | - -2,0 0,058 | - -2,0 | 3 0,4 | 2 -0,1 0,442 | - -2,0 | 3 0,7 | | | |
| H16_A1508 | | 35 | 9,3 | 0 | -0,2 | LA 8 | - | - | - | - | 4 | - -2,9 0,020 | - -2,9 | - -2,9 | - -2,9 0,020 | - -2,9 | - -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1509 | <i>gatA3</i> | 47 | 6,4 | 0 | 0,2 | LA 6 | - | - | - | - | 3 | 4 0,3 0,361 | 3 0,1 | - -2,6 | 3 0,2 0,426 | - -2,6 | - -2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1510 | | 22 | 7,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | 1 | - -0,9 0,303 | - -1 | - -1 | - -1 0,124 | - -1 | - -1 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1511 | <i>purL</i> | 146 | 5,5 | 0 | -0,2 | LA/SN 12/13 | -0,2 -1/0,5 | - | - | - | 51 | 27 -0,9 0,105 | 27 -0,9 | 30 -0,8 | 19 -1,4 0,025 | 34 -0,6 | 41 -0,3 | 3 | - -2,7 0,140 | - -2,7 | - -2,7 | 1 -1,9 0,196 | - -2,7 | - -2,7 | | | |
| H16_A1514 | | 29 | 8,9 | 0 | -0,5 | LA/SN 22/22 | 0,1 -1,1/1,3 | LA/SN 33/24 | 0,0 -1,6/1,1 | 15 | 10 -0,5 0,274 | - -4,9 | 6 -1,3 | 10 -0,6 0,275 | 4 -2 | 8 -0,8 | 13 | 17 0,3 0,363 | 14 0,1 | 22 0,8 | 14 0,1 0,440 | 8 -0,7 | 13 0 | | | | |
| H16_A1517 | <i>pmsR</i> | 17 | 5,7 | 0 | -0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1518 | | 58 | 5,6 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | 3 | 3 0,1 0,471 | - -2,7 | - -2,7 | 3 0,1 0,472 | - -2,7 | - -2,7 | - | - | - | 8 3,9 | - | - | 3 2,7 | 5 3,2 | | |
| H16_A1519 | | 60 | 6,5 | 0 | -0,1 | LA 7 | - | - | - | - | 10 | 6 -0,6 0,187 | - -4,3 | - -4,3 | 3 -1,7 0,017 | 5 -1,1 | 5 -0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1520 | | 45 | 8,9 | 1 | -0,3 | LA 30 | 4,5 2,6/5 | - | - | - | 14 | 6 -1,2 0,017 | 25 0,8 | - -4,8 | 4 -1,7 0,011 | 13 -0,1 | - -4,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A1523 | | 28 | 8,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA 21 | 3,4 1,6/5 | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 2 -1,8 0,132 | - -3,6 | 3 -1,2 | - -3,6 0,084 | - -3,6 | - -3,6 | | | |
| H16_A1524 | | 27 | 7,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA 11 | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | - -3,4 0,066 | - -3,4 | - -3,4 | - -3,4 0,066 | - -3,4 | 4 -0,4 | | | |
| H16_A1526 | | 75 | 8,7 | 0 | -0,1 | LA/SN 19/9 | 1,9 0,1/4,2 | LA 6 | - | - | 28 | 19 -0,5 0,109 | 27 -0,1 | 22 -0,3 | 19 -0,6 0,035 | 19 -0,5 | 21 -0,4 | 5 | 2 -1,3 0,039 | 19 2,1 | 4 -0,1 | 10 1,1 0,167 | 11 1,2 | 11 1,3 | | | |
| H16_A1528 | | 41 | 7,1 | 0 | 0,1 | LA 5 | - | - | - | - | 5 | 4 -0,5 0,169 | - -3,4 | - -3,4 | 2 -1,3 0,107 | - -3,4 | - -3,4 | - | - | - | 3 2,7 | - | 2 2,3 0,165 | - | 3 2,7 | | |
| H16_A1530 | | 68 | 6,1 | 0 | -0,1 | LA 4 | - | - | - | - | 2 | 3 0,1 0,440 | - -2,3 | - -2,3 | 3 0,2 0,395 | - -2,3 | - -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |

[illegible]

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|---------------|--|-------------------------------------|--------------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|-------|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | | |
| H16_A1925 | | 23 | 5,1 | 0 | -0,1 | LA 11 | - | - | - | - | - | 2 | 2 0,2 0,431 | - -1,9 | - -1,9 | - 0,2 0,458 | - -1,9 | - -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1926 | | 18 | 6,3 | 0 | 0,0 | LA/SN 38/38 | 1,5 0,5/2,6 | - | - | - | - | 12 | 12 0 0,499 | 11 -0,2 | 21 0,9 | - -1,1 0,206 | 25 1,1 | 25 1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1930 | | 22 | 6,8 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | 2 | - -1,8 0,102 | - -1,8 | - -1,8 | - -0,6 0,347 | - -1,8 | - -1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1971 | | 63 | 6,4 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 3,8 | 7 3,8 0,047 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1972 | <i>ivd2</i> | 43 | 5,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 20 5,3 0,030 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1974 | | 72 | 6,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 14 4,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1976 | <i>copP1</i> | 74 | 7,4 | 8 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1994 | | 12 | 8,9 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,1 | - | 3 1,5 0,131 | - | - | - | - | - | - | - | 3 1,5 | - | - |
| H16_A1997 | <i>groELb</i> | 57 | 5,7 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2002 | <i>phaB2</i> | 27 | 7,2 | 0 | 0,1 | SN 8 | 1,3 -1/3,2 | LA/SN 8/9 | -0,1 -2,5/1,5 | - | - | 14 | 4,8 0,076 | 12 4,6 | 15 4,9 | 11 4,4 0,072 | 23 5,5 | 27 5,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2011 | | 17 | 5,5 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,4 0,127 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2014 | <i>ibpA3</i> | 16 | 5,4 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 2,7 | 3 2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 1,7 | - |
| H16_A2016 | <i>osmY2</i> | 23 | 6,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 2,2 0,097 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2018 | | 94 | 6,5 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 1,9 0,098 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2028 | <i>guaA</i> | 60 | 6,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 16/18 | -0,3 -1,4/0,8 | - | - | - | - | 14 | 15 0,1 0,340 | 28 1 | 7 -1 | 12 -0,2 0,231 | 5 -1,4 | 4 -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | 1 1,4 0,124 | 2 2,3 | - | - | - |
| H16_A2030 | <i>guaB</i> | 52 | 7,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 26/33 | -0,4 -1,3/0,5 | LA/SN 33/25 | 0,2 -1/1,4 | 45 | 34 -0,4 0,147 | 22 -1 | 42 -0,1 | 45 0 0,494 | 25 -0,9 | 35 -0,4 | 19 22 0,2 0,415 | 66 1,8 | 27 0,5 | 21 0,2 0,439 | 46 1,3 | 55 1,5 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2034 | | 17 | 6,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 - -2,5 0,033 | - -2,5 | - -2,5 | - -2,5 0,033 | - -2,5 | - -2,5 | - | - | - | - | - |
| H16_A2035 | <i>smpB</i> | 17 | 9,6 | 0 | -0,6 | LA 15 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2036 | | 34 | 7,5 | 1 | 0,1 | - | - | - | LA/SN 22/19 | 1,3 0,1/2,3 | - | - | - | - | - | 1 -0,2 0,454 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2038 | <i>ppsA</i> | 87 | 5,2 | 0 | -0,2 | LA/SN 42/37 | 0,8 0,3/1,6 | LA/SN 13/9 | 1,2 0/2,7 | 72 | 60 -0,3 0,197 | 74 0 | 82 0,2 | 73 0 0,432 | 103 0,5 | 103 0,5 | 3 16 2,2 0,219 | - -2,8 | 7 1 | 20 2,5 0,201 | 11 1,6 | 6 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2039 | | 30 | 7,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 23/28 | 0,2 -1,2/1,6 | - | - | - | - | 8 | 9 0,1 0,453 | 21 1,4 | 10 0,3 | 9 0,2 0,209 | 23 1,5 | 15 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2042 | <i>lpxB</i> | 43 | 7,3 | 0 | 0,2 | - | - | SN 6 | - | - | 2 | - -1,7 0,002 | - -1,7 | - -1,7 | - -1,1 0,184 | - -1,7 | - -1,7 | 3 2 -0,4 0,354 | - -2,5 | - -2,5 | 1 -1,1 0,227 | - -2,5 | 2 -0,9 | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2043 | <i>lpxA</i> | 28 | 6,9 | 0 | -0,1 | LA/SN 31/27 | 0,0 -1,2/1,4 | - | - | - | - | 7 | 7 0,1 0,423 | 17 1,4 | 14 1,1 | 10 0,5 0,177 | 11 0,7 | 18 1,4 | - | 3 2,4 0,029 | - | - | - | - | 2 2,2 0,092 | 7 3,7 | - | - | - | |
| H16_A2044 | | 17 | 7,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 26/26 | -0,2 -1,6/2,4 | - | - | - | - | 4 | 6 0,5 0,139 | - -3,0 | 13 1,7 | 6 0,6 0,237 | 3 -0,5 | 19 2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2045 | <i>lpxD</i> | 38 | 6,6 | 0 | 0,0 | LA/SN 7/7 | 0,3 -1,9/2,1 | - | - | - | - | 3 | 3 0 0,490 | - -2,5 | - -2,5 | 3 0,2 0,422 | - -2,5 | - -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2046 | | 20 | 9,3 | 1 | -0,7 | LA/SN 44/32 | 0,9 -0,5/2,8 | - | - | - | - | 14 | 18 0,3 0,395 | 3 -2,2 | 34 1,2 | - -0,3 0,413 | 16 0,1 | 48 1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2047 | | 89 | 8,4 | 0 | -0,4 | - | - | LA/SN 43/29 | 0,3 -0,5/1,2 | 3 | - -2,6 0,140 | - -2,6 | - -2,6 | - -2,6 0,140 | - -2,6 | - -2,6 | 97 78 -0,3 0,174 | 62 -0,6 | 72 -0,4 | 68 -0,5 0,043 | 81 -0,3 | 84 -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2048 | <i>rseP</i> | 50 | 8,6 | 2 | 0,2 | - | - | LA/SN 16/7 | 0,7 -0,6/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2049 | <i>dxp</i> | 41 | 6,4 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | 1 | 1 0,1 0,479 | 6 2,3 | - -1,4 | - -0,8 0,311 | 4 1,5 | - -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2051 | <i>uppS</i> | 29 | 9,9 | 0 | -0,1 | SN 7 | -1,2 -2,4/0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2052 | | 21 | 8,5 | 0 | -0,5 | LA/SN 30/31 | -0,1 -1,3/1,1 | - | - | - | - | 19 | 29 0,6 0,182 | - -5,3 | 16 -0,2 | 12 -0,7 0,196 | 20 0,1 | 16 -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2053 | | 25 | 7,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 33/24 | 0,0 -1/0,9 | LA/SN 26/33 | -1,0 -2/0,1 | 22 | 8 -1,5 0,030 | 10 -1,2 | 14 -0,6 | 10 -1,1 0,114 | 26 0,2 | 14 -0,7 | 10 16 0,8 0,067 | 24 1,3 | 11 0,2 | 22 1,2 0,096 | 16 0,7 | 21 1,2 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2054 | | 31 | 5,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 53/54 | -0,6 -1,2/0 | SN 7 | -0,5 -2,6/1,3 | 108 | 63 -0,8 0,053 | 100 -0,1 | 90 -0,3 | 83 -0,4 0,141 | 99 -0,1 | 73 -0,6 | 1 6 2,2 0,239 | - -1,5 | - -1,5 | - -1,5 0,128 | - -1,5 | - -1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2055 | <i>rpsB</i> | 27 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 39/50 | -0,7 -1,3/0 | LA/SN 53/57 | -0,5 -0,9/0,2 | 41 | 40 -0,1 0,462 | 42 0 | 56 0,4 | 48 0,2 0,260 | 70 0,8 | 90 1,1 | 101 72 -0,5 0,157 | 96 -0,1 | ¹⁰ ₇ 0,1 | 83 -0,3 0,281 | 91 -0,2 | 97 -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2056 | <i>map</i> | 30 | 6,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 8/10 | 0,8 -1/2,7 | - | - | - | - | 3 | 4 0,4 0,339 | 11 1,8 | 6 1 | 4 0,6 0,193 | 7 1,3 | 7 1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2057 | <i>glnD</i> | 98 | 8,7 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | 5 | 4 -0,5 0,210 | - -3,4 | - -3,4 | 4 -0,4 0,307 | 3 -1 | - -3,4 | 2 | - | - -1,9 0,149 | - -1,9 | - -1,9 | - -1,9 0,149 | - -1,9 | - -1,9 | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|--|-------------------------------------|-------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2058 | <i>rsuA1</i> | 66 | 10,7 | 0 | -1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|---------|---------|----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|--|---------|--------|--|--------|-----|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (G/+O ₂) | NSC G | Log ₂ (H/+O ₂) | ØNSC H | p-Wert | Log ₂ (I/+O ₂) | NSC I | Log ₂ (J/+O ₂) | ØNSC J | p-Wert | Log ₂ (K/+O ₂) | NSC K | Log ₂ (L/+O ₂) | ØNSC L | p-Wert | Log ₂ (M/+O ₂) | NSC M | Log ₂ (N/+O ₂) | ØNSC N | p-Wert | Log ₂ (O/+O ₂) | NSC O | Log ₂ (P/+O ₂) | ØNSC P | p-Wert | Log ₂ (Q/+O ₂) | NSC Q | Log ₂ (R/+O ₂) | ØNSC R | p-Wert | Log ₂ (S/+O ₂) | NSC S | Log ₂ (T/+O ₂) | ØNSC T | p-Wert | Log ₂ (U/+O ₂) | NSC U | Log ₂ (V/+O ₂) | ØNSC V | p-Wert | Log ₂ (W/+O ₂) | NSC W | Log ₂ (X/+O ₂) | ØNSC X | p-Wert | Log ₂ (Y/+O ₂) | NSC Y | Log ₂ (Z/+O ₂) | ØNSC Z | p-Wert | Log ₂ (AA/+O ₂) | NSC AA | Log ₂ (AB/+O ₂) | ØNSC AB | p-Wert | Log ₂ (AC/+O ₂) | NSC AC | Log ₂ (AD/+O ₂) | ØNSC AD | p-Wert | Log ₂ (AE/+O ₂) | NSC AE | Log ₂ (AF/+O ₂) | ØNSC AF | p-Wert | Log ₂ (AG/+O ₂) | NSC AG | Log ₂ (AH/+O ₂) | ØNSC AH | p-Wert | Log ₂ (AI/+O ₂) | NSC AI | Log ₂ (AJ/+O ₂) | ØNSC AJ | p-Wert | Log ₂ (AK/+O ₂) | NSC AK | Log ₂ (AL/+O ₂) | ØNSC AL | p-Wert | Log ₂ (AM/+O ₂) | NSC AM | Log ₂ (AN/+O ₂) | ØNSC AN | p-Wert | Log ₂ (AO/+O ₂) | NSC AO | Log ₂ (AP/+O ₂) | ØNSC AP | p-Wert | Log ₂ (AQ/+O ₂) | NSC AQ | Log ₂ (AR/+O ₂) | ØNSC AR | p-Wert | Log ₂ (AS/+O ₂) | NSC AS | Log ₂ (AT/+O ₂) | ØNSC AT | p-Wert | Log ₂ (AU/+O ₂) | NSC AU | Log ₂ (AV/+O ₂) | ØNSC AV | p-Wert | Log ₂ (AW/+O ₂) | NSC AW | Log ₂ (AX/+O ₂) | ØNSC AX | p-Wert | Log ₂ (AY/+O ₂) | NSC AY | Log ₂ (AZ/+O ₂) | ØNSC AZ | p-Wert | Log ₂ (BA/+O ₂) | NSC BA | Log ₂ (BB/+O ₂) | ØNSC BA | p-Wert | Log ₂ (BC/+O ₂) | NSC BC | Log ₂ (BD/+O ₂) | ØNSC BC | p-Wert | Log ₂ (BE/+O ₂) | NSC BE | Log ₂ (BF/+O ₂) | ØNSC BE | p-Wert | Log ₂ (BG/+O ₂) | NSC BG | Log ₂ (BH/+O ₂) | ØNSC BG | p-Wert | Log ₂ (BI/+O ₂) | NSC BI | Log ₂ (BJ/+O ₂) | ØNSC BI | p-Wert | Log ₂ (BK/+O ₂) | NSC BK | Log ₂ (BL/+O ₂) | ØNSC BK | p-Wert | Log ₂ (BM/+O ₂) | NSC BM | Log ₂ (BN/+O ₂) | ØNSC BM | p-Wert | Log ₂ (BO/+O ₂) | NSC BO | Log ₂ (BP/+O ₂) | ØNSC BO | p-Wert | Log ₂ (BQ/+O ₂) | NSC BQ | Log ₂ (BR/+O ₂) | ØNSC BQ | p-Wert | Log ₂ (BS/+O ₂) | NSC BS | Log ₂ (BT/+O ₂) | ØNSC BS | p-Wert | Log ₂ (BU/+O ₂) | NSC BU | Log ₂ (BV/+O ₂) | ØNSC BU | p-Wert | Log ₂ (BW/+O ₂) | NSC BW | Log ₂ (BX/+O ₂) | ØNSC BW | p-Wert | Log ₂ (BY/+O ₂) | NSC BY | Log ₂ (BZ/+O ₂) | ØNSC BY | p-Wert | Log ₂ (CA/+O ₂) | NSC CA | Log ₂ (CB/+O ₂) | ØNSC CA | p-Wert | Log ₂ (CC/+O ₂) | NSC CC | Log ₂ (CD/+O ₂) | ØNSC CC | p-Wert | Log ₂ (CE/+O ₂) | NSC CE | Log ₂ (CF/+O ₂) | ØNSC CE | p-Wert | Log ₂ (CG/+O ₂) | NSC CG | Log ₂ (CH/+O ₂) | ØNSC CG | p-Wert | Log ₂ (CI/+O ₂) | NSC CI | Log ₂ (CJ/+O ₂) | ØNSC CI | p-Wert | Log ₂ (CK/+O ₂) | NSC CK | Log ₂ (CL/+O ₂) | ØNSC CK | p-Wert | Log ₂ (CM/+O ₂) | NSC CM | Log ₂ (CN/+O ₂) | ØNSC CM | p-Wert | Log ₂ (CO/+O ₂) | NSC CO | Log ₂ (CP/+O ₂) | ØNSC CO | p-Wert | Log ₂ (CQ/+O ₂) | NSC CQ | Log ₂ (CR/+O ₂) | ØNSC CQ | p-Wert | Log ₂ (CS/+O ₂) | NSC CS | Log ₂ (CT/+O ₂) | ØNSC CS | p-Wert | Log ₂ (CU/+O ₂) | NSC CU | Log ₂ (CV/+O ₂) | ØNSC CU | p-Wert | Log ₂ (CW/+O ₂) | NSC CW | Log ₂ (CX/+O ₂) | ØNSC CW | p-Wert | Log ₂ (CY/+O ₂) | NSC CY | Log ₂ (CZ/+O ₂) | ØNSC CY | p-Wert | Log ₂ (CA/+O ₂) | NSC CA | Log ₂ (CB/+O ₂) | ØNSC CA | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log ₂ (CC/+O ₂) | ØNSC CB | p-Wert | Log ₂ (CB/+O ₂) | NSC CB | Log |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|----------------------------|--|-------------------------------------|--------|---|---------|---------------------------------------|---------------|---------------------------------------|-----------------|---|---------------|---------------------------------------|---------|---------------------------------------|----------------------|---------|---|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) |
| H16_A2276 | <i>rplI</i> | 16 | 8,4 | 0 | 0,1 | LA/SN 54/54 -0,7 -1,4/0,1 | | | LA/SN 49/49 -0,7 -1,5/0,1 | | | 18 | 18 0 0,493 | 28 0,6 | 19 0,1 | - | -0,6 0,322 | 37 1 | 47 1,4 | 6 | 14 1,2 0,134 | 4 -0,5 | 3 -1,3 | 7 0,2 0,290 | 6 -0,1 | 6 0 | | | | |
| H16_A2277 | <i>rpsR</i> | 11 | 10,3 | 0 | -0,9 | LA/SN 25/40 -1,0 -1,9/0,1 | | | | | | 3 | - -2,8 0,114 | - -2,8 | 8 1,2 | 3 -0,4 0,382 | - -2,8 | - -2,8 | 2 | 6 1,9 0,203 | 19 3,6 | - -1,7 | 4 1,4 0,222 | 6 1,8 | - -1,7 | | | | | |
| H16_A2279 | <i>rpsF</i> | 14 | 8,0 | 0 | -0,6 | LA/SN 30/46 -0,7 -1,4/0,1 | | | LA/SN 22/39 -0,4 -1,3/0,4 | | | 16 | 14 -0,2 0,453 | 4 -1,9 | 15 0 | - -1 0,263 | 29 0,9 | 51 1,7 | 24 | 16 -0,6 0,119 | 39 0,7 | 9 -1,3 | 18 -0,4 0,265 | 6 -2,1 | 23 0 | | | | | |
| H16_A2280 | | 37 | 8,0 | 0 | 0,3 | - - - - | | | - - - - | | | 2 | 1 -0,8 0,235 | - -2,0 | - -2,0 | 3 0,3 0,342 | - -2,0 | - -2,0 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2283 | | 12 | 7,8 | 0 | -0,3 | - - - - | | | SN 30 0,7 -0,6/2,1 | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | 7 | 8 0,1 0,446 | 5 -0,3 | 15 1,2 | 12 0,8 0,230 | 7 0,1 | 7 0,1 | | | | | |
| H16_A2289 | <i>dus2</i> | 38 | 6,8 | 0 | -0,2 | - - - - | | | - - - - | | | 1 | - -1,4 0,094 | - -1,4 | - -1,4 | - -1,4 0,094 | - -1,4 | - -1,4 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2290 | | 20 | 9,2 | 0 | -0,2 | LA/SN 26/13 3,4 2,1/5 | | | - - - - | | | 7 | 7 0,1 0,471 | 18 1,4 | 20 1,5 | 10 0,5 0,339 | 12 0,8 | 15 1,1 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2291 | | 39 | 5,9 | 0 | 0,0 | LA/SN 11/8 -0,9 -2,2/0,2 | | | - - - - | | | 4 | 5 0,3 0,352 | 5 0,4 | 14 1,8 | 12 1,6 0,156 | 5 0,2 | 4 0,1 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2294 | <i>typA</i> | 67 | 5,5 | 0 | -0,3 | LA/SN 7/11 -0,9 -2,5/0,3 | | | LA/SN 10/18 -1,0 -1,9/-0,1 | | | 18 | 12 -0,7 0,165 | 11 -0,8 | 10 -0,8 | 14 -0,3 0,262 | 5 -2 | - -5,2 | 35 | 5 -3 0,073 | 27 -0,4 | 16 -1,1 | 6 -2,6 0,077 | 24 -0,5 | 14 -1,3 | | | | | |
| H16_A2296 | | 55 | 7,0 | 0 | -0,3 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - | 2 2,2 0,155 | - - - - | - - - - | 1 1 0,139 | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2297 | | 44 | 9,4 | 1 | -0,2 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - | - - - - | - - - - | 3 2,4 | 1 1,4 0,124 | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2300 | <i>pepE1</i> | 25 | 6,2 | 0 | 0,1 | - - - - | | | - - - - | | | 1 | - -1,5 0,028 | - -1,5 | - -1,5 | - -1,5 0,028 | - -1,5 | - -1,5 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2301 | | 33 | 6,3 | 0 | 0,2 | - - - - | | | - - - - | | | 2 | - -2,0 0,068 | - -2,0 | - -2,0 | - -2,0 0,068 | - -2,0 | - -2,0 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2303 | | 35 | 9,5 | 0 | 0,1 | SN 7 - - - | | | - - - - | | | 3 | - -1,7 0,067 | - -2,4 | 3 0,2 | 3 0,1 0,465 | 3 0 | -2,4 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2304 | <i>truB</i> | 32 | 6,0 | 0 | -0,1 | - - - - | | | - - - - | | | 2 | 1,7 0,092 | - - - - | - - - - | 1 1,1 0,111 | - - - - | - - - - | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2305 | <i>rbfA</i> | 14 | 7,7 | 0 | -0,3 | SN 14 - - - | | | - - - - | | | 1 | - -0,5 0,381 | - -0,6 | - -0,6 | - 0,7 0,367 | - -0,6 | - -0,6 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2306 | <i>infB</i> | 104 | 6,1 | 0 | -0,5 | LA/SN 27/23 -0,4 -1,7/0,6 | | | LA/SN 3/4 -0,7 -1,8/0,4 | | | 62 | 38 -0,7 0,138 | 18 -1,8 | 62 0 | 65 0,1 0,460 | 26 -1,2 | 31 -1 | 25 | - -5,6 0,084 | 3 -2,9 | 4 -2,5 | 8 -1,7 0,138 | - -5,6 | - -5,6 | | | | | |
| H16_A2307 | <i>nusA</i> | 55 | 4,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 31/30 -0,2 -1,3/0,7 | | | - - - - | | | 33 | 21 -0,6 0,060 | 29 -0,2 | 37 0,1 | 33 0 0,420 | 25 -0,4 | 24 -0,5 | - | - - - - | - - - - | - - - - | 4 3,1 0,184 | - - - - | 2 1,7 | | | | | |
| H16_A2308 | <i>yhbC</i> | 18 | 5,1 | 0 | -0,3 | LA/SN 24/14 -0,1 -1,7/1,4 | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | 3 2,6 | - - - - | - - - - | - - - - | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2309 | | 66 | 10,7 | 0 | -0,8 | LA/SN 11/16 0,1 -1/1,2 | | | - - - - | | | 18 | 8 -1,2 0,108 | 7 -1,3 | - -5,2 | 7 -1,3 0,098 | 4 -2,3 | 8 -1,1 | 7 | - -3,8 0,105 | - -3,8 | - -3,8 | 3 -1,1 0,230 | - -3,8 | - -3,8 | | | | | |
| H16_A2310 | | 31 | 4,6 | 0 | -0,5 | LA/SN 7/7 - - - | | | - - - - | | | 4 | 2 -0,6 0,298 | - -2,8 | 3 -0,2 | 3 -0,3 0,350 | - -2,8 | - -2,8 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2312 | <i>fnr3</i> | 27 | 6,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 12/9 -0,6 -2/0,6 | | | LA/SN 22/10 0,9 -0,6/2,7 | | | 11 | 4 -1,4 0,070 | - -4,4 | - -4,4 | 6 -0,8 0,198 | 3 -1,9 | - -4,4 | 13 | 8 -0,7 0,154 | 6 -1,1 | 7 -1 | 7 -1 0,109 | 11 -0,2 | 11 -0,3 | | | | | |
| H16_A2315 | <i>ccoG</i> | 56 | 8,6 | 5 | 0,0 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | 2 | 10 2,7 0,011 | 5 1,8 | 12 3 | 16 3,4 0,020 | 14 3,2 | 13 3,1 | | | | | |
| H16_A2316 | <i>ccoP</i> | 33 | 6,9 | 2 | -0,1 | - - - - | | | LA/SN 12/10 1,9 -0,4/3,8 | | | - | 1 1,3 0,112 | 3 2,7 | - - - | 1 1,2 0,115 | 4 2,9 | 5 3,4 | 4 | 32 3,1 0,003 | 39 3,3 | 45 3,5 | 43 3,5 0,043 | 43 3,5 | 39 3,3 | | | | | |
| H16_A2318 | <i>ccoO</i> | 25 | 6,8 | 1 | -0,4 | - - - - | | | LA/SN 26/17 1,1 0,2/2,5 | | | - | 2 1,7 0,092 | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | 5 | 32 2,8 0,000 | 28 2,6 | 34 2,9 | 41 3,1 0,030 | 50 3,4 | 27 2,6 | | | | | |
| H16_A2319 | <i>ccoN</i> | 54 | 9,1 | 12 | 0,6 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - | 50 6,6 0,007 | 31 6,0 | 44 6,5 | 46 6,5 0,006 | 54 6,8 | 34 6,1 | | | | | |
| H16_A2321 | <i>zntA</i> | 90 | 8,4 | 9 | 0,3 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - | 4 3,1 0,092 | - - - - | 3 2,8 | 7 3,8 0,054 | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2322 | | 43 | 8,2 | 0 | -0,4 | - - - - | | | - - - - | | | - | 1 1,3 0,112 | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2323 | <i>odhL</i> | 50 | 6,6 | 0 | 0,0 | LA/SN 20/20 -0,3 -1,4/1,1 | | | LA/SN 8/8 -0,8 -2,4/0,9 | | | 17 | 29 0,8 0,107 | 18 0,1 | 13 -0,4 | 22 0,4 0,130 | 26 0,6 | 28 0,7 | - | - - - - | 13 3,7 | 11 3,5 | 3 1,7 0,179 | 8 3 | 13 3,8 | | | | | |
| H16_A2324 | <i>odhB</i> | 43 | 5,8 | 0 | 0,1 | LA/SN 18/21 -0,7 -1,7/0,3 | | | LA/SN 9/9 -0,2 -2/1,6 | | | 23 | 28 0,3 0,121 | 18 -0,3 | 16 -0,5 | 33 0,5 0,047 | 37 0,7 | 42 0,9 | 13 | 9 -0,6 0,100 | - -4,7 | 34 1,4 | 13 0 0,480 | 6 -1,2 | 8 -0,8 | | | | | |
| H16_A2325 | <i>odhA</i> | 106 | 6,8 | 0 | -0,4 | LA/SN 18/20 -0,3 -1,1/1 | | | LA/SN 18/22 -0,3 -1/0,4 | | | 75 | 53 -0,5 0,105 | 45 -0,7 | 34 -1,2 | 49 -0,6 0,081 | 63 -0,3 | 83 0,1 | 31 | 30 0 0,491 | 51 0,7 | 81 1,4 | 27 -0,2 0,438 | 63 1 | 78 1,3 | | | | | |
| H16_A2326 | <i>ugpQ</i> | 26 | 5,8 | 0 | 0,1 | LA 13 1,6 0,4/3 | | | - - - - | | | 2 | 2 -0,5 0,327 | - -2,3 | 4 0,8 | - -2,3 0,047 | 5 0,9 | 3 0,4 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |
| H16_A2327 | | 40 | 6,9 | 0 | 0,0 | - - - - | | | LA/SN 13/11 1,6 0,5/2,8 | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | 12 | 15 0,3 0,343 | 11 -0,2 | 13 0,1 | 12 0 0,492 | 11 -0,2 | 10 -0,3 | | | | | |
| H16_A2328 | | 31 | 7,4 | 6 | 0,9 | - - - - | | | - - - - | | | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | 7 | - -2,5 0,175 | 4 -0,6 | - -3,7 | 3 -0,9 0,285 | - -3,7 | - -3,7 | | | | | |
| H16_A2330 | | 48 | 9,3 | 0 | -0,3 | LA/SN 43/20 2,7 2/3,4 | | | - - - - | | | 38 | 41 0,1 0,407 | 39 0,1 | 51 0,4 | 44 0,2 0,332 | 56 0,6 | - -6,2 | 1 | - 1,4 0,304 | - -1,5 | - -1,5 | 2 0,1 0,471 | - -1,5 | - -1,5 | | | | | |
| H16_A2331 | | 28 | 5,8 | 0 | 0,1 | - - - - | | | - - - - | | | 3 | - -2,6 0,072 | - -2,6 | - -2,6 | 1 -1 0,189 | - -2,6 | - -2,6 | - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | - - - - | | | | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|-------------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|--|-------------------------------------|---------------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-----------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A +O ₂ | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2332 | <i>ntrC</i> | 57 | 5,5 | 0 | -0,2 | SN 4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|-------------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------------|--|-------------------------------------|---------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) p-Wert | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC A +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) p-Wert | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2376 | <i>surE</i> | 27 | 6,1 | 0 | -0,1 | LA/SN 10/10 | 0,3 -1,1/1,8 | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,5 0,166 | - | -2,3 | 4 | 0,7 | 3 | 0,5 0,171 | 5 | 0,9 | - | -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------|--|-------------------------------------|----------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|-------|-------|------|------|------|------|-------|-------|-------|------|------|------|------|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2550 | | 38 | 6,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | SN | 5 | 0,0 | -1,6/1,5 | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | 2 | 2,1 | 0,111 | - | - | - | - | 2 | 1,7 | 0,093 | 3 | 2,7 | - | 2 | 1,7 | | | | | | | | | | |
| H16_A2552 | <i>pdxJ</i> | 28 | 6,2 | 0 | 0,0 | LA/SN 23/24 | 0,2 | -1,1/2,1 | - | - | - | - | 3 | 12 | 2 | 0,049 | 10 | 1,7 | 5 | 0,8 | 10 | 1,7 | 0,021 | 15 | 2,3 | 16 | 2,4 | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | | |
| H16_A2554 | | 35 | 7,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 9/10 | -0,2 | -1,7/1,5 | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,8 | 0,279 | - | -2,1 | 7 | 1,7 | 5 | 1,2 | 0,075 | - | -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | | |
| H16_A2555 | | 28 | 9,1 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0 | 0,486 | - | -2,1 | - | -2,1 | 1 | -0,6 | 0,179 | - | -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | | |
| H16_A2556 | | 14 | 9,8 | 1 | 0,2 | - | - | - | LA | 25 | 1,7 | 0,6/2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 | -1 | 0,126 | 2 | -1,2 | 4 | -0,2 | 3 | -0,8 | 0,198 | 3 | -0,6 | 2 | -1,6 | | | | | | | | |
| H16_A2557 | <i>lepB</i> | 34 | 8,3 | 2 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 18/21 | 0,2 | -0,7/1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 17 | 14 | -0,3 | 0,232 | 12 | -0,5 | 21 | 0,3 | 18 | 0 | 0,449 | 16 | -0,2 | 12 | -0,5 | | | | | | | | |
| H16_A2558 | <i>lepA</i> | 66 | 5,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 8/10 | -0,5 | -1,6/1,2 | 2 | - | -2,3 | 0,056 | - | -2,3 | - | -2,3 | 23 | 9 | -1,4 | 0,040 | 26 | 0,2 | 17 | -0,4 | 9 | -1,3 | 0,042 | 14 | -0,7 | 15 | -0,6 | | | | | | | | | |
| H16_A2560 | | 52 | 9,2 | 0 | -0,2 | LA/SN 5/7 | 2,2 | 1,1/3,8 | LA/SN 20/15 | 0,4 | -0,6/1,9 | 6 | 5 | -0,3 | 0,397 | - | -3,5 | - | -3,5 | 7 | 0,4 | 0,352 | - | -3,5 | - | -3,5 | 29 | 21 | -0,5 | 0,151 | 11 | -1,4 | 15 | -0,9 | 26 | -0,2 | 0,356 | 15 | -1 | 17 | -0,7 | | |
| H16_A2561 | <i>rseB</i> | 40 | 9,4 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,6 | 0,333 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | 0,9 | 0,347 | - | -0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | |
| H16_A2563 | <i>rpoE1</i> | 23 | 5,6 | 0 | -0,5 | LA/SN 10/10 | 1,8 | 0,7/2,9 | - | - | - | - | 2 | - | -1,7 | 0,026 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | -1,7 | 0,026 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | |
| H16_A2565 | <i>fabF</i> | 43 | 6,3 | 0 | 0,0 | LA/SN 9/8 | -0,4 | -1,5/0,7 | - | - | - | - | 16 | 11 | -0,5 | 0,150 | 15 | -0,1 | 8 | -0,9 | 8 | -1 | 0,083 | 9 | -0,8 | - | -5,0 | - | - | - | - | 3 | 2,8 | 2 | 2 | 0,154 | 2 | 1,7 | - | - | | | |
| H16_A2566 | <i>acpP</i> | 9 | 4,2 | 0 | -0,2 | LA | 27 | 0,7 | -0,6/1,8 | - | - | - | 8 | 11 | 0,5 | 0,331 | 17 | 1,2 | 22 | 1,6 | 7 | -0,2 | 0,437 | 15 | 0,9 | 29 | 2 | - | 2 | 2,2 | 0,166 | - | - | - | - | 4 | 2,9 | 0,120 | 2 | 2,3 | - | - | |
| H16_A2567 | <i>fabG</i> | 26 | 8,0 | 0 | 0,1 | LA/SN 29/26 | -0,3 | -1,3/1 | LA/SN 9/12 | -0,8 | -4,9/1,2 | 22 | 19 | -0,2 | 0,308 | 18 | -0,3 | 29 | 0,4 | 20 | -0,1 | 0,457 | 29 | 0,4 | 17 | -0,4 | 4 | - | -3 | 0,128 | - | -3 | - | -3 | - | -3,1 | 0,148 | 5 | 0,2 | 3 | -0,4 | | |
| H16_A2568 | <i>fabD</i> | 32 | 5,5 | 0 | 0,3 | SN | 13 | -0,3 | -1,4/0,8 | - | - | - | 22 | 5 | -2 | 0,001 | 22 | 0 | 19 | -0,2 | 15 | -0,6 | 0,012 | 19 | -0,2 | 20 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2569 | <i>fabH</i> | 35 | 6,2 | 0 | 0,1 | LA/SN 19/22 | -0,3 | -1,9/1 | - | - | - | - | 12 | 9 | -0,3 | 0,345 | 18 | 0,6 | 13 | 0,2 | 12 | 0 | 0,499 | - | -4,5 | 13 | 0,1 | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 4 | 2,9 | 0,180 | 3 | 2,7 | 2 | 2,2 | | | |
| H16_A2570 | <i>plsX</i> | 38 | 6,8 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A2572 | | 21 | 4,5 | 0 | -0,1 | SN | 16 | -0,3 | -1,4/0,8 | - | - | - | 2 | 3 | 0,3 | 0,103 | 3 | 0,6 | - | -2,1 | 4 | 0,7 | 0,221 | 7 | 1,8 | 7 | 1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2573 | | 21 | 5,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 16/23 | 0,4 | -1,1/2,1 | - | - | - | - | 8 | 6 | -0,4 | 0,308 | 6 | -0,3 | 5 | -0,6 | 4 | -0,8 | 0,248 | 7 | -0,1 | 4 | -0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2574 | | 26 | 8,2 | 0 | 0,0 | LA/SN 13/13 | 0,5 | -1,5/2 | - | - | - | - | 4 | 4 | -0,1 | 0,445 | 3 | -0,3 | - | -3,0 | 3 | -0,7 | 0,267 | 4 | -0,2 | - | -3,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2575 | | 42 | 5,7 | 1 | -0,2 | - | - | - | LA/SN 12/7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 11 | 9 | -0,2 | 0,297 | 11 | 0 | 9 | -0,2 | 12 | 0,1 | 0,438 | 7 | -0,6 | 6 | -0,8 | |
| H16_A2577 | | 24 | 5,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,9 | 0,002 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | -1,4 | 0,128 | - | -1,9 | - | -1,9 | 4 | - | -3,1 | 0,097 | - | -3,1 | - | -3,1 | 3 | -0,8 | 0,255 | 2 | -1,4 | 6 | 0,3 | |
| H16_A2580 | <i>cafA2</i> | 112 | 5,8 | 0 | -0,6 | LA/SN 13/16 | -0,2 | -1,2/1,1 | LA/SN 23/19 | -0,1 | -0,8/0,6 | 28 | 33 | 0,2 | 0,371 | 14 | -1 | 5 | -2,5 | 15 | -0,9 | 0,138 | 4 | -2,9 | 16 | -0,8 | 159 | 83 | -0,9 | 0,110 | 98 | -0,7 | 129 | -0,3 | 91 | -0,8 | 0,129 | 109 | -0,5 | 92 | -0,8 | | |
| H16_A2582 | <i>mobA</i> | 21 | 4,9 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3 | -0,7 | 0,180 | - | -3,0 | - | -3,0 | - | -1,5 | 0,100 | 3 | -0,6 | - | -3,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2583 | <i>moeA2</i> | 46 | 5,6 | 0 | 0,1 | LA/SN 12/7 | 0,3 | -1,8/2,2 | - | - | - | - | 5 | 12 | 1,3 | 0,069 | 4 | -0,1 | 6 | 0,4 | 10 | 1 | 0,090 | 6 | 0,4 | - | -3,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2585 | | 55 | 5,7 | 1 | -0,4 | - | - | - | LA/SN 4/6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 3 | -1,1 | 0,155 | - | -3,5 | 6 | 0 | 2 | -1,4 | 0,068 | 2 | -1,3 | 6 | 0,1 | |
| H16_A2586 | | 35 | 6,7 | 0 | 0,1 | LA | 6 | - | - | - | - | - | 5 | 4 | -0,6 | 0,205 | 5 | 0 | - | -3,4 | 6 | 0,1 | 0,424 | 3 | -1 | - | -3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2587 | | 50 | 6,9 | 13 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,8 | 0,047 | - | - | - | - | |
| H16_A2588 | | 24 | 6,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 18/15 | 1,0 | -0,6/2,4 | 1 | 1 | 0,2 | 0,429 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | 0,4 | 0,415 | - | -0,7 | - | -0,7 | 8 | 4 | -1,1 | 0,033 | 8 | -0,1 | 7 | -0,2 | 5 | -0,8 | 0,106 | 3 | -1,3 | 6 | -0,5 | | |
| H16_A2589 | <i>pncB</i> | 45 | 7,0 | 0 | -0,2 | LA | 8 | - | - | - | - | - | 2 | 3 | 0,7 | 0,320 | - | -1,8 | - | -1,8 | 3 | 0,7 | 0,286 | 2 | 0 | - | -1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2591 | | 12 | 4,4 | 0 | -0,3 | SN | 20 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2592 | <i>trxB2</i> | 40 | 5,5 | 0 | 0,0 | LA/SN 22/25 | -0,6 | -1,4/0,5 | - | - | - | - | 8 | 23 | 1,6 | 0,004 | 27 | 1,8 | 44 | 2,5 | 31 | 2 | 0,018 | 16 | 1,1 | - | -4,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,3 | - | - | |
| H16_A2594 | | 28 | 6,8 | 0 | -0,1 | LA | 9 | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,6 | 0,316 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -0,3 | 0,425 | 4 | 1 | - | -1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2597 | | 34 | 9,3 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -1 | 0,134 | - | -2,1 | - | -2,1 | 2 | 0 | 0,477 | - | -2,1 | 3 | 0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2600 | <i>kdpD1</i> | 102 | 6,5 | 3 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,135 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,135 | - | -1,4 | - | -1,4 | |
| H16_A2601 | <i>rpsU1</i> | 8 | 11,5 | 0 | -0,8 | LA/SN 34/34 | -0,7 | -2/0,5 | LA/SN 51/51 | -0,6 | -1,5/0,3 | 2 | - | -2,1 | 0,171 | 3 | 0,6 | - | -2,1 | - | -2,1 | 0,171 | - | -2,1 | 4 | 0,9 | - | 8 | 4 | 0,130 | 8 | 3,9 | 11 | 4,5 | 4 | 2,9 | 0,101 | - | - | 2 | 1,7 | | |
| H16_A2602 | | 35 | 6,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | LA | 6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | 0,093 | - | - | 6 | 3,6 | 2 | 2,3 | 0,076 | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--|-------------------------------------|--------|--|-------------------------------------|--|---|--|--|---|---|--|---|--|--|---|---|--|---|--|--|---|--|--|---|--|--|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) |
| Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | |
| H16_A2606 | metB | 43 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 7/6 | 0,0 -1,9/1,9 | - | - | - | - | 7 | 4 -0,7 0,168 | - -3,8 | 4 -0,8 | 7 0 0,485 | 5 -0,6 | - -3,8 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2607 | purF | 56 | 6,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 13/11 | 0,1 -1,3/1,7 | LA/SN 5/5 | - | - | - | 17 | 22 0,4 0,219 | 22 0,4 | 16 -0,1 | 16 -0,1 0,423 | 14 -0,3 | 15 -0,2 | - | 2 1,8 0,143 | 9 4,1 | 3 2,8 | 5 3,2 0,187 | 7 3,9 | 7 3,8 | | |
| H16_A2609 | | 27 | 9,9 | 1 | -0,5 | - | - | LA/SN 26/23 | 0,2 -1/1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 29 | 17 -0,8 0,006 | 6 -2,2 | 19 -0,6 | 18 -0,7 0,007 | 3 -3,2 | 2 -4,2 | | |
| H16_A2610 | folC | 47 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 5/5 | -0,3 -1,8/1 | - | - | - | - | - | 1 1,4 0,100 | - | - | - | 3 2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2611 | accD | 32 | 6,9 | 0 | 0,0 | LA/SN 24/21 | 0,3 -1,1/1,9 | LA/SN 20/18 | -0,2 -1,4/1,4 | 12 | 4 -1,5 0,011 | 9 -0,5 | 10 -0,2 | 7 -0,8 0,029 | 11 -0,1 | 14 0,2 | 10 | 5 -0,9 0,183 | 14 0,5 | 4 -1,2 | 7 -0,5 0,279 | 11 0,1 | 13 0,5 | - | | | |
| H16_A2612 | trpA | 28 | 4,8 | 0 | 0,3 | LA/SN 25/29 | 0,5 -1,2/3,4 | - | - | - | - | 15 | 6 -1,4 0,104 | 14 -0,1 | 11 -0,4 | 11 -0,4 0,264 | 15 0 | 8 -0,8 | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A2613 | | 34 | 6,7 | 0 | -0,3 | LA 9 | - | - | - | - | - | 3 | - -2,6 0,057 | - -2,6 | - -2,6 | - -2,6 0,057 | - -2,6 | - -2,6 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2614 | trpB | 43 | 6,5 | 0 | -0,3 | LA/SN 14/7 | 0,8 -0,7/2,1 | - | - | - | - | 10 | 6 -0,7 0,114 | 7 -0,4 | 6 -0,6 | 6 -0,6 0,142 | 11 0,2 | - -4,3 | - | 5 3,2 0,184 | 5 3,4 | 3 2,8 | 2 1,6 0,136 | 5 3,3 | 5 3,2 | | |
| H16_A2617 | fimV | 98 | 5,0 | 1 | -0,2 | - | - | LA/SN 12/10 | 0,6 -0,4/1,6 | 1 | - -1 0,124 | - -1 | - -1 | - -1 0,124 | - -1 | - -1 | 30 | 3 -3,1 0,065 | 3 -3,2 | 9 -1,7 | 14 -1,1 0,136 | 2 -4,2 | 5 -2,7 | - | - | | |
| H16_A2618 | asd | 41 | 6,0 | 0 | 0,0 | LA/SN 30/33 | -1,0 -2,1/-0,1 | - | - | - | - | 33 | 25 -0,4 0,156 | 50 0,6 | 41 0,3 | 38 0,2 0,315 | 38 0,2 | - -6,1 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2619 | leuB3 | 38 | 5,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 25/25 | -0,4 -1,8/1 | - | - | - | - | 14 | 7 -0,9 0,097 | 15 0,1 | 13 -0,1 | 13 -0,1 0,439 | 9 -0,6 | - -4,8 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2620 | leuD3 | 25 | 7,9 | 0 | -0,3 | LA/SN 22/22 | -0,3 -1,4/0,8 | SN 10 | - | - | - | 8 | 8 0 0,487 | 9 0,1 | 10 0,3 | 7 -0,3 0,369 | 8 0 | 9 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2621 | leuC3 | 51 | 6,3 | 0 | -0,2 | LA/SN 8/10 | -0,4 -1,8/0,7 | LA/SN 6/6 | -1,0 -4,2/1,4 | 8 | 4 -0,8 0,267 | 7 0 | 12 0,7 | 13 0,8 0,164 | 3 -1,5 | 4 -0,8 | 4 | - -0,6 0,362 | 5 0,5 | 9 1,3 | - -0,5 0,385 | 15 1,9 | 17 2,1 | - | | | |
| H16_A2622 | livF1 | 25 | 8,7 | 0 | 0,1 | - | - | LA/SN 36/31 | -0,1 -1,3/1,2 | 2 | - -2,2 0,092 | - -2,2 | - -2,2 | - -2,2 0,092 | - -2,2 | - -2,2 | 20 | 11 -0,9 0,162 | 6 -1,7 | 12 -0,8 | 8 -1,4 0,113 | 8 -1,3 | 12 -0,8 | - | - | | |
| H16_A2623 | livG1 | 28 | 8,5 | 0 | 0,0 | - | - | LA/SN 35/32 | -0,2 -1,5/0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 6 0 0,466 | 4 -0,4 | 11 0,9 | 5 -0,3 0,332 | 4 -0,5 | 4 -0,6 | | |
| H16_A2624 | livM1 | 46 | 9,7 | 11 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 2,4 | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2626 | livK1 | 39 | 8,8 | 0 | -0,1 | LA/SN 40/35 | 0,8 0,2/1,5 | LA 7 | - | - | - | 46 | 62 0,4 0,289 | 68 0,6 | 68 0,6 | 51 0,2 0,247 | 56 0,3 | 5 -3,1 | 2 | 2 0,5 0,341 | - -1,8 | - -1,8 | - -1,8 0,059 | - -1,8 | - -1,8 | | |
| H16_A2627 | cisY | 49 | 6,5 | 0 | -0,2 | LA/SN 28/37 | 0,0 -0,6/0,7 | - | - | - | - | 52 | 61 0,2 0,242 | 81 0,6 | 76 0,6 | 59 0,2 0,284 | 75 0,5 | 3 -4 | - | 24 5,6 0,131 | 3 2,7 | - | 10 4,3 0,055 | 8 4,0 | 5 3,2 | | |
| H16_A2629 | sdhB | 27 | 6,6 | 0 | -0,4 | SN 16 | -0,6 -2,4/0,9 | LA/SN 32/33 | -0,3 -0,8/0,3 | 5 | 4 -0,4 0,295 | 10 0,8 | - -3,4 | 4 -0,5 0,270 | 3 -1 | 7 0,4 | 35 | 37 0,1 0,447 | 69 1 | 35 0 | 37 0,1 0,432 | 56 0,7 | 44 0,3 | - | - | | |
| H16_A2630 | sdhA | 65 | 6,9 | 0 | -0,3 | LA/SN 4/6 | -0,5 -1,8/1,2 | LA/SN 37/36 | -0,2 -1/0,7 | 19 | 20 0,1 0,463 | 14 -0,4 | 20 0,1 | 22 0,2 0,366 | 10 -0,9 | 5 -1,8 | 108 | 125 0,2 0,387 | 165 0,6 | 12 9 0,3 | 136 0,3 0,192 | 148 0,5 | 120 0,2 | - | - | | |
| H16_A2632 | sdhC | 15 | 10,1 | 3 | 1,0 | - | - | SN 15 | -0,3 -1,4/0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 4,0 0,060 | - | - | 3 2,8 | 10 4,3 0,133 | 11 4,4 | - | |
| H16_A2633 | | 32 | 8,1 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | 2 | 3 0,7 0,270 | - -2,0 | - -2,0 | 6 1,5 0,071 | 3 0,5 | - -2,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2634 | mdh1 | 35 | 6,6 | 0 | 0,0 | LA/SN 60/61 | 0,1 -0,4/0,4 | - | - | - | - | 96 | 162 0,8 0,088 | 130 0,4 | 229 1,3 | 255 1,4 0,015 | 115 0,3 | 97 0 | - | 33 6,0 0,188 | - | - | 5 3,4 0,108 | - | - | | |
| H16_A2635 | citE1 | 36 | 6,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | 3 | 7 1,3 0,008 | - -2,5 | 8 1,5 | 8 1,4 0,002 | 5 0,6 | - -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2636 | prpC2 | 44 | 7,8 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | 2 | 4 0,9 0,232 | - -2,2 | 4 0,8 | 9 2 0,101 | 5 1 | - -2,2 | - | 2 2,1 0,073 | - | - | - | 3 2,4 0,110 | - | - | - | | |
| H16_A2637 | | 19 | 9,4 | 0 | -0,2 | - | - | LA/SN 17/12 | 0,7 -0,5/2,4 | 3 | 5 0,7 0,326 | - -2,7 | 4 0,3 | - -1,8 0,088 | - -2,7 | - -2,7 | 41 | 10 -2 0,106 | 10 -2,1 | 16 -1,3 | 10 -2,1 0,105 | 13 -1,6 | 12 -1,8 | - | - | | |
| H16_A2638 | acnA | 98 | 6,9 | 0 | -0,1 | LA/SN 24/13 | 1,7 0,9/2,6 | LA/SN 10/8 | 0,5 -1,1/2,8 | 114 | 99 -0,2 0,410 | 70 -0,7 | 64 -0,8 | 75 -0,6 0,171 | 80 -0,5 | 95 -0,3 | 10 | 50 2,2 0,221 | 100 3,3 | 49 2,2 | 44 2,1 0,133 | 56 2,4 | 54 2,4 | - | - | | |
| H16_A2640 | | 44 | 5,0 | 0 | -0,2 | LA/SN 9/9 | 0,1 -1,5/1,6 | - | - | - | - | 4 | 3 -0,5 0,127 | 3 -0,2 | - -2,9 | 5 0,4 0,116 | 2 -1 | - -2,9 | 3 | - -1,5 0,264 | - -2,5 | - -2,5 | - -2,5 0,176 | 5 0,8 | 2 -0,3 | | |
| H16_A2641 | | 25 | 8,6 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | 2 | 1 -0,6 0,261 | - -1,7 | - -1,7 | - -1,2 0,170 | - -1,7 | - -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2642 | | 60 | 9,6 | 1 | -0,3 | LA/SN 6/4 | - | - | - | 4 | 7 0,8 0,130 | 5 0,5 | - -3,0 | 5 0,4 0,322 | 6 0,7 | 6 0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2643 | | 34 | 7,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | 1 | - -1,4 0,248 | - -1,5 | - -1,5 | - -1,5 0,151 | - -1,5 | - -1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2644 | | 27 | 9,5 | 2 | -0,1 | - | - | LA/SN 15/12 | 0,8 -0,6/1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 -1,2 0,087 | - -3,4 | 5 -0,1 | 4 -0,5 0,200 | - -3,4 | 2 -1,2 | | |
| H16_A2653 | | 19 | 9,3 | 0 | -0,1 | LA 15 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2654 | htpG | 71 | 5,2 | 0 | -0,4 | LA/SN 40/40 | 0,4 -0,2/0,9 | LA 4 | -0,8 -2/0,4 | 49 | 68 0,5 0,088 | 103 1,1 | 63 0,4 | 53 0,1 0,393 | 69 0,5 | 80 0,7 | 5 | 20 2 0,206 | - -3,3 | - -3,3 | 3 -0,8 0,262 | 16 1,7 | 7 0,5 | - | - | | |
| H16_A2657 | | 25 | 6,4 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | 4 | 2 -0,7 0,272 | 9 1,2 | 5 0,5 | 7 1 0,223 | 6 0,8 | 8 1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2660 | | 16 | 7,0 | 0 | 0,2 | LA 13 | -0,4 -2,2/1,1 | - | - | 2 | 3 0,5 0,361 | - -2,1 | 9 2,1 | 3 0,7 0,289 | - -2,1 | 10 2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-------------|-----------------|--|-------------------------------------|---------|--------|---|--|--|---|---|--|--------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|-------|-------|-------|------|------|------|------|-------|-------|-------|------|------|------|-----|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F Log ₂ (G/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2761 | | 22 | 5,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA/SN 13/9 | 1,0 | -0,3/2,6 | 2 | - | -1,8 | 0,114 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -1,3 | 0,233 | - | -1,8 | - | -1,8 | 3 | - | -2,3 | 0,100 | 8 | 1,6 | - | -2,3 | - | -2,3 | 0,100 | 9 | 1,8 | 7 | 1,5 | | |
| H16_A2762 | ltaA | 38 | 6,4 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,3 | 0,394 | - | -0,6 | - | -0,6 | 3 | 1,9 | 0,063 | - | -0,6 | - | -0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2763 | | 7 | 5,4 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | - | - | 2 | 2,2 | 0,117 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A2766 | | 32 | 8,2 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,1 | 0,456 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -1,8 | 0,096 | - | -1,8 | - | -1,8 | | |
| H16_A2769 | alaS | 95 | 6,1 | 0 | -0,3 | LA/SN 25/25 | -0,2 | -0,9/0,5 | LA/SN 2/4 | 3,9 | 2,8/5 | 62 | 35 | -0,8 | 0,014 | 54 | -0,2 | 51 | -0,3 | 46 | -0,4 | 0,003 | 57 | -0,1 | 66 | 0,1 | 5 | 7 | 0,5 | 0,374 | 2 | -1,3 | - | -3,4 | 3 | -1 | 0,229 | 3 | -0,7 | - | -3,4 | | | |
| H16_A2771 | | 17 | 10,1 | 4 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,7 | 0,026 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | -1,1 | 0,198 | - | -1,7 | - | -1,7 | | | |
| H16_A2772 | | 35 | 9,4 | 1 | 0,1 | LA/SN 15/12 | 0,2 | -1,2/1,5 | - | - | - | - | 5 | 3 | -0,8 | 0,076 | 10 | 0,8 | 4 | -0,4 | 5 | -0,1 | 0,422 | 6 | 0,2 | 3 | -0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2773 | nhaP | 63 | 7,4 | 11 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,1 | 0,120 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | -1,1 | 0,120 | - | -1,1 | - | -1,1 | | | |
| H16_A2775 | | 53 | 6,8 | 12 | 0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - | -2,7 | 0,071 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | -2,7 | 0,071 | - | -2,7 | - | -2,7 | | | |
| H16_A2777 | katG | 82 | 6,0 | 0 | -0,4 | LA | 3 | - | - | - | - | - | 5 | 3 | -1 | 0,139 | 3 | -0,7 | - | -3,3 | 3 | -0,7 | 0,240 | - | -3,3 | - | -3,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A2780 | ggt2b | 59 | 6,1 | 0 | -0,2 | LA/SN 7/3 | 2,0 | 0,3/3,5 | - | - | - | - | 8 | 3 | -1,6 | 0,101 | - | -4,1 | - | -4,1 | - | -4,1 | 0,056 | 2 | -2,2 | 3 | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2782 | | 22 | 5,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2783 | | 51 | 6,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - | -1,9 | 0,054 | - | -2,5 | - | -2,5 | 3 | 0,2 | 0,424 | 2 | -0,7 | - | -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2784 | glnS | 66 | 6,1 | 0 | -0,6 | LA/SN 11/17 | -0,7 | -5/0,9 | - | - | - | - | 13 | 12 | -0,1 | 0,442 | 15 | 0,2 | 6 | -1,1 | 12 | 0 | 0,457 | 5 | -1,5 | - | -4,7 | - | - | - | - | 10 | 4,3 | - | - | 3 | 2,6 | 0,136 | 2 | 1,7 | 4 | 3,0 | | |
| H16_A2789 | yaeQ | 20 | 5,4 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 2 | -0,9 | 0,120 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -1,6 | 0,104 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2790 | | 12 | 6,3 | 0 | -0,2 | LA/SN 19/19 | 0,8 | -0,3/1,8 | - | - | - | - | 7 | 8 | 0,4 | 0,381 | 12 | 0,8 | 17 | 1,4 | - | 0,1 | 0,472 | 12 | 0,8 | 29 | 2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2791 | | 12 | 5,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,3 | 0,095 | 6 | 3,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2792 | | 30 | 7,6 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | - | -0,6 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | - | -0,6 | 1 | - | -1,5 | 0,128 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | -1,5 | 0,128 | - | -1,5 | - | -1,5 | | |
| H16_A2794 | | 63 | 6,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA | 5 | 2,6 | 1,1/4,4 | 6 | 4 | -0,8 | 0,152 | 4 | -0,5 | 5 | -0,3 | 3 | -1,3 | 0,050 | 2 | -1,8 | - | -3,6 | 6 | 4 | -0,5 | 0,281 | 13 | 1,1 | 7 | 0,2 | 3 | -0,9 | 0,128 | 7 | 0,3 | 14 | 1,3 | |
| H16_A2795 | | 31 | 4,8 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 4 | 0,8 | 0,254 | 11 | 2,1 | 3 | 0,3 | 4 | 0,7 | 0,127 | 12 | 2,2 | 12 | 2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2800 | asmA | 84 | 9,6 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,6 | 0,319 | - | -2,6 | - | -2,6 | 5 | 0,6 | 0,319 | - | -2,6 | - | -2,6 | | | |
| H16_A2802 | pdxH | 24 | 7,5 | 0 | -0,6 | LA/SN 24/14 | 0,4 | -1/1,5 | - | - | - | - | 7 | 67 | 3,2 | 0,009 | 25 | 1,7 | 65 | 3,1 | 49 | 2,7 | 0,064 | 42 | 2,5 | 49 | 2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3 | 0,175 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2803 | | 47 | 6,1 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 3 | 0,7 | 0,276 | - | -2,0 | - | -2,0 | 9 | 2,1 | 0,034 | 7 | 1,8 | - | -2,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,9 | 0,017 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2804 | | 37 | 7,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | - | - | - | 1 | 1,1 | 0,111 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2806 | | 20 | 5,9 | 0 | -0,4 | LA | 11 | 1,4 | -0,4/3 | - | - | - | - | 6 | 6 | 0,1 | 0,375 | - | -3,5 | 6 | 0,1 | 3 | -1 | 0,120 | 5 | -0,1 | 7 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,4 | 0,415 | - | - | 2 | 1,1 | | |
| H16_A2808 | | 46 | 6,9 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,7 | 0,273 | - | -1,6 | - | -1,6 | - | -1,6 | 0,094 | - | -1,6 | - | -1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2812 | | 16 | 8,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | - | - | - | 3 | 2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2813 | | 18 | 6,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,5 | 0,192 | - | -1,6 | 3 | 1 | - | -1,6 | 0,103 | - | -1,6 | 3 | 1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2818 | gcdH | 44 | 6,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 10/7 | 0,2 | -1/1,4 | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,5 | 0,280 | 5 | 0,8 | - | -2,6 | 3 | 0,2 | 0,425 | - | -2,6 | - | -2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2819 | | 24 | 6,4 | 0 | -0,4 | LA/SN 14/19 | -0,6 | -1,8/0,7 | LA/SN 13/13 | -0,2 | -1,4/0,8 | 9 | 30 | 1,8 | 0,009 | 10 | 0,2 | 34 | 2 | 23 | 1,4 | 0,168 | 5 | -0,7 | 13 | 0,5 | 2 | 10 | 2,1 | 0,091 | 6 | 1,4 | 13 | 2,4 | 12 | 2,3 | 0,120 | 16 | 2,7 | 13 | 2,5 | | | |
| H16_A2820 | | 12 | 8,4 | 1 | -0,5 | LA/SN 20/20 | 0,1 | -1,5/1,6 | LA/SN 37/20 | 1,8 | 0,9/2,7 | 3 | 2 | -0,9 | 0,246 | 9 | 1,6 | 7 | 1,4 | - | -2,5 | 0,098 | 11 | 2 | 24 | 3,1 | 19 | 20 | 0 | 0,475 | 26 | 0,4 | 22 | 0,2 | 21 | 0,1 | 0,416 | 16 | -0,3 | 12 | -0,7 | | | |
| H16_A2821 | | 14 | 7,8 | 2 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | 0,029 | - | - | - | - | 6 | 3,5 | 0,103 | 4 | 3,0 | - | - | - | - | |
| H16_A2826 | exsB | 24 | 5,5 | 0 | 0,0 | LA/SN 14/15 | 0,5 | -0,8/2 | - | - | - | - | 6 | 4 | -0,5 | 0,243 | 2 | -1,5 | 5 | -0,2 | 6 | 0,1 | 0,403 | 5 | -0,1 | 3 | -0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2827 | | 28 | 9,2 | 0 | -0,6 | LA/SN 27/32 | 0,3 | -1,2/1,3 | - | - | - | - | 20 | 13 | -0,6 | 0,245 | - | -5,3 | 7 | -1,5 | 9 | -1,1 | 0,165 | 5 | -2,1 | 8 | -1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2828 | opcL | 18 | 8,1 | 0 | -0,5 | LA/SN 66/59 | -0,1 | -1,3/1,5 | LA/SN 67/67 | 0,0 | -0,6/0,6 | 8 | 5 | -0,6 | 0,278 | 10 | 0,3 | 10 | 0,4 | - | -4,0 | 0,066 | 9 | 0,2 | 7 | -0,1 | 107 | 61 | -0,8 | 0,193 | 181 | 0,8 | 79 | -0,4 | 58 | -0,9 | 0,183 | 71 | -0,6 | 83 | -0,4 | | | |
| H16_A2829 | tolB | 49 | 9,8 | 0 | -0,4 | LA/SN 26/18 | 0,3 | -0,8/1,6 | LA/SN 15/18 | 0,2 | -0,7/1,1 | 15 | 16 | 0,2 | 0,336 | - | -4,9 | 5 | -1,5 | 14 | 0 | 0,474 | 16 | 0,2 | - | -4,9 | 13 | 17 | 0,4 | 0,081 | 14 | 0,2 | 19 | 0,6 | 26 | 1 | 0,071 | 11 | -0,1 | 17 | 0,5 | | | |
| H16_A2830 | | 37 | 9,7 | 1 | -0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -2,2 | 0,029 | - | -2,2 | 3 | 0,6 | 2 | 0,1 | 0,478 | - | -2,2 | - | -2,2 | | | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|--------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|-------|-------|------|------|------|------|-------|-------|-------|------|------|------|------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | ØNSC F | p-Wert | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A2895 | | 31 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 10/11 | 0,1 -1,1/1,4 | - | - | - | - | 7 | 6 | -0,3 | 0,369 | 14 | 1 | 9 | 0,4 | 10 | 0,5 | 0,228 | 9 | 0,4 | 19 | 1,4 | - | - | - | - | 4 | 3,1 | - | - | - | - | 7 | 3,8 | | | |
| H16_A2896 | | 40 | 6,0 | 0 | -0,2 | LA/SN 18/22 | 0,2 -1,1/1,7 | - | - | - | - | 13 | 11 | -0,2 | 0,316 | 21 | 0,7 | 8 | -0,7 | 16 | 0,2 | 0,260 | 14 | 0 | 13 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A2897 | | 39 | 8,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,7 | 0,213 | - | -2,4 | - | -2,4 | - | -2,4 | - | -2,4 | | | | |
| H16_A2898 | | 40 | 8,8 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,3 | 0,119 | - | - | - | - | 1 | 1,3 | 0,103 | - | - | - | - | | |
| H16_A2899 | | 29 | 6,2 | 0 | 0,0 | LA | 8 | - | - | - | - | - | 1 | 1,3 | 0,112 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | | | |
| H16_A2900 | | 39 | 6,3 | 0 | -0,2 | LA/SN 35/43 | -0,3 -1/0,4 | - | - | - | - | 24 | 28 | 0,2 | 0,033 | 37 | 0,6 | 32 | 0,4 | 27 | 0,2 | 0,211 | 22 | -0,2 | 28 | 0,2 | 1 | 6 | 2,1 | 0,242 | 8 | 2,4 | 4 | 1,6 | - | -0,3 | 0,423 | 11 | 3 | 8 | 2,5 |
| H16_A2901 | | 112 | 5,3 | 0 | -0,1 | LA/SN | 2/2 | - | - | LA/SN 13/12 | -0,2 -1/0,7 | 6 | 1 | -2 | 0,034 | - | -3,6 | - | -3,6 | 3 | -0,8 | 0,204 | - | -3,6 | - | -3,6 | 39 | 13 | -1,6 | 0,049 | 15 | -1,4 | 13 | -1,6 | 11 | -1,8 | 0,049 | 21 | -0,9 | 16 | -1,3 |
| H16_A2902 | | 44 | 9,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA/SN 18/27 | -0,1 -1,5/1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 24 | 18 | -0,4 | 0,262 | 14 | -0,8 | 18 | -0,4 | 18 | -0,4 | 0,285 | 18 | -0,4 | 14 | -0,8 | |
| H16_A2903 | tagH | 46 | 6,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | LA/SN 11/15 | -0,2 -1,3/1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 10 | 4 | -1,3 | 0,051 | 8 | -0,4 | 8 | -0,3 | 5 | -1 | 0,074 | 9 | -0,1 | 6 | -0,6 | |
| H16_A2905 | manC2 | 53 | 5,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN 14/14 | -0,2 -1,3/0,8 | 1 | - | -1,4 | 0,094 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -0,8 | 0,314 | - | -1,4 | - | -1,4 | 32 | 15 | -1,1 | 0,013 | 41 | 0,4 | 24 | -0,4 | 13 | -1,4 | 0,008 | 38 | 0,3 | 44 | 0,4 |
| H16_A2906 | | 20 | 6,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,7 | 0,124 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | -1,7 | 0,124 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2908 | | 34 | 8,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2910 | | 31 | 6,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2912 | pyrX | 48 | 6,3 | 0 | 0,0 | LA/SN | 8/8 -0,3 -1,7/1,2 | - | - | pyr | - | 7 | 5 | -0,5 | 0,251 | 14 | 1 | - | -3,8 | 4 | -0,9 | 0,119 | 7 | 0,1 | 8 | 0,3 | 3 | 3 | 0,1 | 0,471 | - | -2,5 | - | -2,5 | 1 | -1,4 | 0,115 | - | -2,5 | - | -2,5 |
| H16_A2913 | pyrB | 35 | 7,5 | 0 | 0,0 | SN | 8 | - | - | SN | 7 | - | 9 | 4 | -1,3 | 0,108 | 9 | -0,1 | 2 | -2,2 | 4 | -1,3 | 0,074 | 6 | -0,5 | - | -4,2 | - | - | - | - | - | 6 | 3,6 | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2914 | | 19 | 5,6 | 0 | 0,0 | LA/SN 21/19 | 0,2 -0,8/1,4 | - | - | - | - | 6 | 3 | -1,1 | 0,084 | 2 | -1,5 | 9 | 0,7 | - | -2,2 | 0,029 | 2 | -1,7 | - | -3,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2915 | | 16 | 5,3 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1 | 0,294 | 3 | 1,5 | - | -1,1 | - | -0,2 | 0,455 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2916 | | 21 | 4,8 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 4 | - | -2,8 | 0,171 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -2,9 | 0,143 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2917 | rsuA2 | 26 | 6,2 | 0 | -0,3 | LA/SN | 14/9 0,5 -1,4/3 | - | - | - | - | 4 | 1 | -1,5 | 0,051 | 7 | 1,1 | - | -2,8 | 2 | -1 | 0,126 | 5 | 0,6 | 4 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2918 | hemY | 45 | 9,6 | 2 | -0,3 | - | - | - | - | LA/SN | 8/5 0,4 -0,9/1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 11 | 6 | -0,8 | 0,135 | 5 | -1 | 11 | 0 | 8 | -0,5 | 0,159 | 6 | -0,9 | 5 | -1,2 | |
| H16_A2919 | hemXD | 74 | 6,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN | 8/6 0,4 -1/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 27 | 22 | -0,3 | 0,316 | 19 | -0,5 | 22 | -0,2 | 25 | -0,1 | 0,439 | 22 | -0,3 | 18 | -0,5 | |
| H16_A2920 | hemC | 35 | 6,3 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,1 | 0,455 | - | -2,1 | 3 | 0,5 | 7 | 1,6 | 0,106 | - | -2,1 | - | -2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2921 | ppc | 112 | 8,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 10/12 | -0,4 -1,6/1,2 | LA/SN | 6/13 -0,8 -2,6/0,3 | 38 | 11 | -1,9 | 0,006 | 28 | -0,5 | - | -6,3 | 8 | -2,2 | 0,003 | 5 | -2,8 | 24 | -0,7 | 18 | 21 | 0,2 | 0,402 | 11 | -0,7 | 9 | -1 | 11 | -0,7 | 0,190 | 13 | -0,4 | 17 | -0,1 | | |
| H16_A2925 | argH | 51 | 6,0 | 0 | -0,1 | LA/SN 24/27 | 0,1 -0,5/0,8 | - | - | - | - | 10 | 12 | 0,3 | 0,280 | 19 | 1 | 14 | 0,6 | 13 | 0,5 | 0,063 | 23 | 1,2 | 24 | 1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2926 | | 23 | 9,5 | 4 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 13 | 3 | -2,3 | 0,190 | - | -4,7 | - | -4,7 | - | -2,6 | 0,181 | - | -4,7 | - | -4,7 | |
| H16_A2927 | | 61 | 8,2 | 12 | 0,9 | - | - | - | - | LA | 3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | - | -4,0 | 0,011 | 12 | 0,6 | 7 | -0,2 | 2 | -2,2 | 0,011 | 3 | -1,3 | 2 | -1,8 | |
| H16_A2930 | ldcC | 86 | 5,5 | 0 | -0,3 | LA/SN | 4/7 -0,7 -3,8/1 | - | - | - | - | 14 | 8 | -0,8 | 0,148 | 5 | -1,4 | 7 | -1 | 10 | -0,4 | 0,132 | 9 | -0,6 | 9 | -0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,3 | 5 | 3,2 | |
| H16_A2931 | dcd | 21 | 6,0 | 0 | -0,3 | LA/SN 14/14 | 0,3 -1,1/1,5 | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,3 | 0,390 | 4 | 0,6 | 3 | 0,2 | - | -2,5 | 0,085 | - | -2,5 | 5 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A2932 | fdhD1 | 31 | 5,9 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,4 | 0,405 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | -1,1 | 0,094 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | - | - |
| H16_A2934 | fdhC | 44 | 9,8 | 6 | 0,1 | - | - | - | - | LA | 10 2,3 0,9/3,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,4 | 0,354 | - | -2,6 | 3 | -0,2 | - | -1,1 | 0,235 | 2 | -0,9 | - | -2,6 | |
| H16_A2935 | | 9 | 9,3 | 0 | -0,9 | - | - | - | - | LA/SN 44/22 | 1,0 -2,2/4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,7 | 0,338 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2936 | fdhB1 | 24 | 7,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN 20/12 | 3,4 2,3/4,5 | 2 | - | 0 | 0,491 | - | -1,6 | - | -1,6 | - | -1,6 | 0,094 | - | -1,6 | - | -1,6 | 1 | - | -1,3 | 0,100 | - | -1,3 | - | -1,3 | - | -1,3 | 0,100 | - | -1,3 | - | -1,3 |
| H16_A2937 | fdhA1 | 112 | 8,5 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | LA/SN | 19/7 1,7 -1,7/4,6 | 7 | 4 | -0,9 | 0,115 | - | -3,9 | - | -3,9 | 6 | -0,4 | 0,329 | - | -3,9 | - | -3,9 | 4 | 5 | 0,2 | 0,405 | - | -3,2 | 7 | 0,6 | 2 | -0,9 | 0,255 | 4 | -0,1 | 4 | -0,2 |
| H16_A2939 | torD | 23 | 4,7 | 0 | -0,1 | LA/SN 14/14 | 1,4 0,2/2,7 | - | - | - | - | 5 | 4 | -0,4 | 0,135 | - | -3,3 | - | -3,3 | 2 | -1,5 | 0,033 | 3 | -0,8 | - | -3,3 | - | - | - | - | 3 | 2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2940 | | 76 | 6,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 4 | 5 | 0,5 | 0,324 | - | -2,9 | 4 | 0,2 | 3 | -0,1 | 0,454 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2943 | mrp | 38 | 6,3 | 0 | 0,1 | SN | 9 0,3 -0,9/1,5 | - | - | - | - | 10 | - | -4,4 | 0,045 | - | -4,4 | 6 | -0,8 | - | -1,3 | 0,155 | - | -4,4 | - | -4,4 | 5 | 3 | -0,6 | 0,264 | 3 | -0,6 | - | -3,3 | 4 | -0,4 | 0,331 | 2 | -1 | 2 | -1 |
| H16_A2944 | | 22 | 9,4 | 0 | -0,3 | LA/SN 21/21 | 1,1 -0,1/2,6 | LA/SN | 34/34 1,0 0,3/1,8 | 10 | 4 | -1,4 | 0,112 | 11 | 0,1 | 4 | -1,3 | - | -3 | 0,062 | 9 | -0,2 | 8 | -0,3 | 54 | 45 | -0,3 | 0,269 | 102 | 0,9 | 58 | 0,1 | 47 | -0,2 | 0,312 | 69 | 0,4 | 67 | 0,3 | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|-------------------|---|----------|---------|--|---|--------|-----------------|--|---|--------|-------|--|---|--------|-------|--|---------------------------------------|-----|------|-------|-------|------|---------------------------------|------|------|-------|-------|-------|------|------|------|------|------|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | | Ident. | Log ₂ (A/+O ₂) ØNSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) ØNSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A3005 | | 33 | 6,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,8 | 0,145 | - | -1,7 | - | -1,7 | 2 | 0,2 | 0,419 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | | | | | | | | | | | |
| H16_A3007 | | 26 | 7,8 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 18/11 | 0,4 | -0,8/1,6 | 3 | 2 | -0,8 | 0,271 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | -2,7 | 0,109 | - | -2,7 | - | -2,7 | 6 | 2 | -1,4 | 0,081 | - | -3,6 | - | -3,6 | 4 | -0,5 | 0,197 | - | -3,6 | - | -3,6 | | | |
| H16_A3009 | asdA | 61 | 5,9 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,018 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,018 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A3013 | hutG1 | 30 | 6,3 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,0 | 2 | 2,3 | 0,046 | 3 | 2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A3015 | hutI | 44 | 6,4 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,2 | 0,115 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3017 | hutU1 | 62 | 6,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,2 | 0,093 | - | - | - | - | 3 | 2,6 | 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3018 | hutH | 55 | 5,7 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,6 | 0,128 | - | - | - | - | 2 | 1,9 | 0,101 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3020 | | 29 | 8,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA | 25 | 2,8 | 1,2/4,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,5 | 0,290 | - | -2,7 | 3 | -0,4 | 4 | 0,4 | 0,260 | - | -2,7 | - | -2,7 | | | |
| H16_A3022 | | 35 | 9,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,108 | 5 | 2 | 5 | 1,9 | 2 | 0,4 | 0,323 | 3 | 1 | 4 | 1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3023 | | 37 | 11,6 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,8 | 0,092 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | -0,7 | 0,335 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3024 | | 39 | 6,3 | 0 | -0,2 | LA/SN 11/14 | -0,6 | -1,9/0,9 | - | - | - | - | 7 | 3 | -1,2 | 0,021 | 10 | 0,5 | 3 | -1,2 | 5 | -0,5 | 0,155 | 3 | -1,3 | 2 | -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3025 | argD | 43 | 6,0 | 0 | 0,0 | LA/SN 30/25 | 0,3 | -0,5/1,1 | - | - | - | - | 24 | 26 | 0,1 | 0,334 | 31 | 0,3 | 30 | 0,3 | 23 | -0,1 | 0,297 | 41 | 0,8 | 5 | -2,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3026 | livF2 | 26 | 8,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 49/22 | 2,2 | 1/3,4 | 3 | - | -2,8 | 0,104 | - | -2,8 | - | -2,8 | - | -2,8 | 0,104 | - | -2,8 | - | -2,8 | 40 | 7 | -2,5 | 0,020 | 3 | -3,6 | 10 | -1,9 | 8 | -2,3 | 0,025 | 4 | -3,3 | 5 | -3,1 | | | |
| H16_A3027 | livG2 | 28 | 7,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN 19/16 | 2,0 | 0,7/3,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 14 | 7 | -0,9 | 0,165 | 13 | -0,1 | 15 | 0,1 | 4 | -1,8 | 0,097 | 7 | -1,1 | 8 | -0,8 | | | | |
| H16_A3028 | livM2 | 42 | 9,4 | 8 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - | -3,0 | 0,121 | - | -3,0 | - | -3,0 | - | -3,0 | 0,121 | - | -3,0 | - | -3,0 | - | -3,0 | | |
| H16_A3030 | livK2 | 41 | 8,1 | 0 | -0,1 | LA/SN 30/10 | 3,4 | 1,8/5 | LA/SN 69/34 | 3,8 | 3,1/4,7 | 39 | 24 | -0,7 | 0,076 | 25 | -0,7 | 5 | -2,9 | 17 | -1,2 | 0,070 | 37 | -0,1 | - | -6,3 | 366 | 123 | -1,6 | 0,003 | 199 | -0,9 | ¹⁹ ₃ -0,9 | 80 | -2,2 | 0,001 | 200 | -0,9 | 185 | -1 | | | | | |
| H16_A3032 | | 18 | 4,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 19/32 | -0,6 | -1,8/0,7 | - | - | - | - | 4 | 1 | -1,8 | 0,011 | 6 | 0,6 | 7 | 0,7 | - | -1,4 | 0,114 | - | -3,1 | 4 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3034 | rpmB | 9 | 11,4 | 0 | -0,5 | LA/SN 42/52 | -1,0 | -2,1/0,1 | LA/SN 25/25 | -1,0 | -2,3/0,2 | 3 | 4 | 0,4 | 0,403 | 7 | 1,3 | - | -2,6 | 3 | 0,1 | 0,478 | - | -2,6 | - | -2,6 | - | 11 | 1,9 | 0,046 | - | - | 10 | 1,8 | 10 | 1,8 | 0,063 | 9 | 1,6 | 8 | 1,4 | | | | |
| H16_A3036 | nadB | 58 | 6,2 | 0 | -0,2 | LA | 4 | 0,3 | -1/1,6 | - | - | - | 6 | 5 | -0,3 | 0,313 | 10 | 0,7 | - | -3,6 | 4 | -0,7 | 0,073 | 6 | 0,1 | 4 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3037 | nadC | 30 | 6,0 | 0 | 0,2 | LA/SN 12/12 | -1,0 | -2,2/0,6 | - | - | - | - | 7 | 8 | 0 | 0,486 | 11 | 0,5 | 11 | 0,6 | 12 | 0,6 | 0,089 | 11 | 0,6 | 7 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3038 | nadA | 42 | 6,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 5/8 | 0,5 | -0,8/1,9 | - | - | - | - | 3 | 5 | 0,9 | 0,202 | 6 | 1,3 | 8 | 1,6 | 6 | 1,3 | 0,057 | 7 | 1,5 | - | -2,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | - | - | - | - |
| H16_A3039 | | 46 | 9,2 | 2 | -0,3 | - | - | - | SN | 12 | 0,2 | -3,8/4,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 18 | 35 | 1 | 0,133 | 33 | 0,9 | 34 | 0,9 | 11 | -0,7 | 0,255 | 16 | -0,1 | 13 | -0,4 | | | |
| H16_A3040 | mscS1 | 51 | 8,9 | 6 | 0,5 | - | - | - | LA | 3 | 0,1 | -1,1/1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,4 | 0,354 | 4 | 0,6 | 6 | 1,1 | 3 | 0,1 | 0,472 | 9 | 1,6 | 10 | 1,7 | | | | |
| H16_A3041 | sun1 | 50 | 9,7 | 0 | -0,2 | LA/SN 9/5 | -0,5 | -1,8/0,9 | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,6 | 0,251 | - | -2,4 | - | -2,4 | 1 | -0,9 | 0,173 | - | -2,4 | 3 | 0,2 | 4 | 4 | 0,2 | 0,451 | 10 | 1,4 | 9 | 1,3 | 5 | 0,4 | 0,367 | 3 | -0,2 | 3 | -0,2 | | | |
| H16_A3042 | purN | 22 | 6,0 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | 0,112 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3043 | | 23 | 8,9 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | LA/SN 19/11 | -0,3 | -1,3/0,9 | 1 | - | -1,4 | 0,094 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,094 | - | -1,4 | - | -1,4 | 9 | 4 | -1 | 0,079 | 6 | -0,4 | 3 | -1,3 | 5 | -0,8 | 0,085 | 12 | 0,5 | 15 | 0,8 | | | |
| H16_A3044 | | 63 | 9,3 | 5 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | - | -2 | 0,062 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | -2 | 0,063 | 2 | -0,9 | - | -3,2 | - | -3,2 | | |
| H16_A3045 | | 41 | 10,0 | 0 | -0,2 | LA | 8 | - | - | - | - | - | 4 | 4 | 0,1 | 0,316 | 5 | 0,6 | 2 | -0,8 | 4 | 0,3 | 0,296 | 3 | -0,4 | - | -2,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3046 | ileS | 108 | 6,3 | 0 | -0,4 | LA/SN 9/6 | -0,1 | -0,8/0,9 | LA/SN 5/9 | -0,3 | -1,7/1 | 48 | 24 | -1 | 0,206 | 17 | -1,5 | 44 | -0,1 | 30 | -0,7 | 0,251 | 18 | -1,4 | 17 | -1,5 | 3 | 11 | 2,1 | 0,186 | 15 | 2,5 | 12 | 2,2 | 19 | 2,8 | 0,155 | 16 | 2,6 | 15 | 2,5 | | | | |
| H16_A3048 | dfp | 44 | 7,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA | 14 | 0,8 | -0,2/1,7 | 7 | 4 | -0,7 | 0,222 | - | -3,8 | - | -3,8 | 4 | -0,7 | 0,207 | 5 | -0,6 | - | -3,8 | 5 | 2 | -1,1 | 0,209 | - | -3,3 | 6 | 0,3 | 4 | -0,1 | 0,463 | 3 | -0,5 | 6 | 0,4 | | | |
| H16_A3049 | dut | 17 | 6,0 | 0 | 0,1 | SN | 18 | 0,1 | -1/1,3 | - | - | - | 5 | - | -3,2 | 0,090 | - | -3,2 | 6 | 0,4 | - | -3,2 | 0,090 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3050 | | 30 | 6,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,1 | 0,470 | - | -1,7 | - | -1,7 | 3 | 1,1 | 0,140 | 3 | 0,8 | 4 | 1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3051 | | 35 | 9,9 | 1 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,7 | 0,123 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | -0,7 | 0,123 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3052 | clpA | 84 | 6,1 | 0 | -0,3 | LA/SN 13/10 | 0,9 | -1/3,1 | LA/SN 17/13 | 0,7 | -0,2/1,8 | 15 | 15 | 0 | 0,491 | 15 | 0 | 26 | 0,8 | 26 | 0,8 | 0,164 | 16 | 0,1 | 13 | -0,3 | 28 | 18 | -0,6 | 0,276 | 11 | -1,4 | 18 | -0,6 | 18 | -0,7 | 0,257 | 30 | 0,1 | 14 | -1 | | | | |
| H16_A3054 | | 7 | 6,0 | 0 | -0,4 | LA/SN 31/31 | 2,3 | 1,2/3,9 | - | - | - | - | 1 | 3 | 1,3 | 0,237 | 9 | 2,7 | 5 | 1,9 | - | 1,2 | 0,313 | 4 | 1,5 | - | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A3056 | icd1 | 46 | 5,7 | 0 | -0,1 | LA/SN 14/17 | 0,0 | -1,2/1,3 | - | - | - | - | 12 | 99 | 3 | 0,030 | 44 | 1,8 | 81 | 2,7 | 72 | 2,5 | 0,057 | 27 | 1,1 | - | -4,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,3 | - | - | - | - | - |

[illegible]

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|--|-------------------------------------|-------------------|----------|--|--|--------|---|-------|--|--|----------------------|---|--------|--|--|--------|---|-------|--|--|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) NSC C | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) NSC F | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) NSC C | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) NSC F | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A3162 | | 35 | 9,8 | 1 | -0,6 | - | - | - | - | LA | 7 | 0,5 | -0,6/1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-------------|--------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------------------|-------------------------------------|-----------------|--------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------------------|-------------------------------------|-----------|--------------------------|-------------------------------------|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | |
| | | | | | | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | SeqAbd, % | |
| H16_A3256 | <i>pilC</i> | 46 | 9,7 | 3 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3257 | <i>pilD</i> | 32 | 7,7 | 6 | 0,8 | - | - | - | SN | 6 | -0,2 -1,4/0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3258 | <i>coaE</i> | 22 | 6,1 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,8 0,210 | - | -2,3 | 2 | -0,3 | - | -2,3 0,027 | - | -2,3 | - | -2,3 | - | - | - |
| H16_A3259 | | 29 | 5,9 | 0 | -0,2 | LA/SN 15/12 | 0,4 | -2,2/2 | - | - | - | 10 | 6 | -0,7 0,141 | - | -4,3 | 6 | -0,7 | 5 | -1 | 0,118 | 7 | -0,5 | - | -4,3 | 1 | |
| H16_A3260 | <i>opt1</i> | 70 | 9,6 | 18 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 3,7 0,021 | - | |
| H16_A3261 | | 16 | 5,1 | 0 | -0,4 | SN | 15 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3262 | | 34 | 5,7 | 0 | -0,4 | LA/SN 12/12 | 0,1 | -1,2/1,6 | - | - | - | 4 | 5 | 0,2 0,365 | 13 | 1,7 | 6 | 0,6 | 8 | 0,9 0,136 | 7 | 0,9 | - | -3,0 | - | - | |
| H16_A3263 | <i>argJ</i> | 43 | 5,4 | 0 | 0,1 | LA/SN 29/29 | -0,1 | -1/0,8 | - | - | - | 19 | 23 | 0,3 0,335 | 28 | 0,5 | 25 | 0,4 | 18 | -0,1 0,462 | 23 | 0,3 | 28 | 0,6 | - | - | |
| H16_A3264 | <i>secA</i> | 105 | 5,4 | 0 | -0,6 | LA/SN 20/21 | 0,1 | -0,7/0,8 | LA/SN 13/15 | -0,4 | -1,2/0,6 | 93 | 60 | -0,6 0,146 | 42 | -1,2 | 40 | -1,2 | 50 | -0,9 0,099 | 47 | -1 | 40 | -1,2 | 27 | 40 | |
| H16_A3266 | <i>lpxC</i> | 33 | 5,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -2,1 0,006 | - | -2,1 | - | -2,1 | 3 | 0,3 0,278 | - | -2,1 | - | -2,1 | - | - | |
| H16_A3267 | | 18 | 5,6 | 0 | 0,1 | LA/SN 34/33 | 1,5 | -0,4/2,7 | - | - | - | 11 | 9 | -0,3 0,362 | 4 | -1,3 | 13 | 0,3 | - | -1 | 0,210 | 12 | 0,1 | 27 | 1,3 | - | |
| H16_A3268 | <i>ftsZ</i> | 42 | 5,0 | 0 | 0,0 | LA/SN 8/14 | -1,0 | -3,7/0,8 | LA/SN 9/14 | -0,6 | -1,8/0,7 | 12 | - | -4,5 0,102 | - | -4,5 | 5 | -1,2 | 5 | -1,3 0,201 | - | -4,5 | - | -4,5 | 15 | 6 | |
| H16_A3269 | <i>ftsA</i> | 44 | 5,3 | 0 | 0,1 | LA | 6 | 1,5 0,3/2,9 | LA/SN 15/12 | 1,3 | -0,2/3,9 | 7 | - | -3,8 0,005 | - | -3,8 | - | -3,8 | 8 | 0,1 0,421 | 7 | 0 | - | -3,8 | 18 | 5 | |
| H16_A3270 | <i>ftsQ</i> | 33 | 8,9 | 1 | -0,2 | - | - | - | LA | 11 | -0,4 -1,8/1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | |
| H16_A3271 | <i>ddlB</i> | 35 | 5,0 | 0 | 0,0 | LA/SN 17/10 | 0,2 | -1/1,4 | - | - | - | 4 | 3 | -0,1 0,310 | 6 | 0,9 | 10 | 1,5 | 8 | 1,1 0,098 | 7 | 1 | - | -2,8 | - | - | |
| H16_A3272 | <i>murC2</i> | 50 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 5/5 | 0,2 | -0,9/1,3 | LA/SN 7/7 | -0,7 | -2,3/0,2 | 3 | 2 | -0,8 0,088 | - | -2,5 | - | -2,5 | 2 | -0,7 0,093 | 4 | 0,3 | - | -2,5 | 10 | 4 | |
| H16_A3273 | <i>murG</i> | 38 | 9,3 | 0 | 0,2 | - | - | - | SN | 6 | 1,2 -0,1/2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3 | |
| H16_A3274 | <i>ftsW</i> | 45 | 9,8 | 10 | 0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 2 | |
| H16_A3275 | <i>murD</i> | 53 | 5,6 | 0 | 0,1 | LA/SN 7/9 | 0,1 | -1,1/1,5 | - | - | - | 9 | 7 | -0,4 0,248 | 5 | -0,8 | 3 | -1,6 | 7 | -0,3 0,320 | 3 | -1,7 | 6 | -0,5 | - | - | |
| H16_A3277 | <i>murF</i> | 48 | 6,7 | 0 | 0,2 | LA/SN 19/8 | 0,4 | -1,5/2,9 | - | - | - | 8 | 7 | -0,1 0,413 | 12 | 0,5 | 3 | -1,4 | 8 | 0 0,479 | 5 | -0,8 | 4 | -0,9 | - | - | |
| H16_A3278 | <i>murE</i> | 54 | 6,5 | 0 | 0,1 | LA/SN 5/5 | - | - | - | - | - | 3 | 4 | 0,5 0,285 | 5 | 1 | -2,5 | 5 | 0 0,212 | 3 | 0 | 4 | 0,6 | - | - | - | |
| H16_A3279 | <i>ftsI1</i> | 65 | 9,8 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA/SN 6/3 | 0,6 | -1,1/1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 14 | 8 | |
| H16_A3280 | <i>ftsL</i> | 11 | 9,7 | 1 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 17/17 | 1,2 | 0,1/2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 1 | |
| H16_A3281 | | 36 | 9,2 | 0 | -0,2 | LA | 12 | 0,8 -1,4/2,6 | - | - | - | 4 | 4 | -0,1 0,404 | - | -3,1 | - | -3,1 | 7 | 0,7 0,087 | 3 | -0,6 | 3 | -0,4 | - | - | |
| H16_A3282 | | 14 | 6,5 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 | -1,3 0,186 | - | -3,3 | 8 | 0,7 | - | -1,6 0,163 | - | -3,3 | 8 | 0,8 | - | - | |
| H16_A3284 | | 40 | 9,1 | 0 | -0,1 | LA | 14 | 3,8 1,9/5 | LA/SN 41/24 | 4,8 | 4,1/5 | 14 | 4 | -1,9 0,038 | 5 | -1,4 | 3 | -2,2 | 4 | -1,7 0,043 | 5 | -1,6 | - | -4,8 | 413 | 188 | |
| H16_A3285 | | 35 | 9,6 | 0 | 0,1 | LA | 9 | 3,5 2,4/4,6 | - | - | - | 3 | 1 | -1,1 0,084 | - | -2,5 | - | -2,5 | 2 | -0,5 0,155 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | - | |
| H16_A3288 | <i>fadD3</i> | 61 | 8,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 18/4 | 1,8 | 0,8/3,2 | 2 | - | -1,6 0,088 | 3 | 0,4 | - | -2,3 | 1 | -1,1 0,091 | 4 | 0,6 | - | -2,3 | 16 | 24 | |
| H16_A3291 | | 42 | 8,4 | 1 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | |
| H16_A3292 | | 76 | 6,6 | 0 | -0,1 | LA/SN 10/6 | 1,4 | 0/3 | - | - | - | 11 | 5 | -1,1 0,144 | 13 | 0,2 | 6 | -0,9 | 8 | -0,4 0,283 | 5 | -1 | 6 | -0,8 | - | - | |
| H16_A3293 | | 43 | 9,2 | 0 | -0,1 | LA/SN 13/6 | - | - | - | - | - | 5 | 3 | -0,8 0,135 | 7 | 0,6 | - | -3,3 | 3 | -0,7 0,270 | 7 | 0,6 | - | -3,3 | - | - | |
| H16_A3294 | | 39 | 7,4 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA | 5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - | |
| H16_A3295 | | 36 | 8,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA | 8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - | |
| H16_A3298 | | 58 | 9,2 | 1 | -0,3 | LA | 17 | 3,9 1,4/5 | - | - | - | 13 | 10 | -0,5 0,082 | 9 | -0,7 | 6 | -1,1 | 5 | -1,5 0,023 | 9 | -0,6 | 15 | 0,1 | - | - | |
| H16_A3299 | <i>hipO</i> | 43 | 6,0 | 0 | -0,2 | LA/SN 9/9 | 0,9 | -0,6/2,5 | - | - | - | 5 | 8 | 0,8 0,041 | 10 | 0,9 | 9 | 0,9 | 10 | 1 0,026 | 7 | 0,5 | - | -3,3 | - | - | |
| H16_A3307 | | 28 | 5,7 | 0 | 0,0 | LA/SN 29/20 | 1,2 | 0,3/2 | - | - | - | 36 | 46 | 0,4 0,070 | 15 | -1,3 | 48 | 0,4 | 29 | -0,3 0,334 | 47 | 0,4 | 47 | 0,4 | - | - | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------------------|-------------------------------------|--------|--------------------------|-------------------------------------|--|---------------------------------------|-------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|-----|-----|-----|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | |
| Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | |
| H16_A3308 | | 29 | 6,5 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | | | |
| H16_A3310 | | 28 | 5,9 | 0 | -0,1 | SN | 11 | -1,6 | -3,2/0,1 | LA/SN 44/53 | -0,8 | -1,4/0,1 | 3 | 4 | 0,3 | 0,385 | - | -2,7 | - | -2,7 | 6 | 0,9 | 0,229 | 2 | -0,9 | - | -2,7 | 24 | 33 | 0,5 | 0,213 | 22 | -0,1 | 34 | 0,5 | 31 | 0,4 | 0,275 | 20 | -0,2 | 25 | 0,1 | |
| H16_A3311 | | 29 | 5,8 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,4 | 0,387 | - | -0,7 | - | -0,7 | 3 | 1,9 | 0,154 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3313 | paal1 | 48 | 6,4 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -0,7 | 0,314 | - | -1,9 | - | -1,9 | 3 | 0,6 | 0,293 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3314 | mltA | 41 | 9,7 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA/SN 27/27 | 0,1 | -0,8/1 | 3 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | 16 | 20 | 0,4 | 0,295 | 12 | -0,4 | 18 | 0,2 | 23 | 0,6 | 0,203 | 14 | -0,2 | 16 | 0 | |
| H16_A3315 | | 8 | 7,4 | 1 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3316 | | 14 | 5,6 | 0 | -0,2 | LA | 21 | 1,0 | -0,1/2,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3317 | rpe | 25 | 6,2 | 0 | 0,0 | LA/SN | 8/8 | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,0 | 0,008 | - | - | - | - | 3 | 2,6 | 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3319 | trpE | 56 | 5,8 | 0 | -0,2 | LA/SN | 8/5 | 0,3 | -1/1,4 | - | - | - | - | 4 | 3 | -0,3 | 0,393 | 3 | -0,4 | 11 | 1,4 | 10 | 1,2 | 0,056 | 5 | 0,1 | 2 | -1 | - | 6 | 2 | 0,067 | - | - | 8 | 2,4 | 7 | 2,2 | 0,039 | 2 | 0,7 | 8 | 2,4 |
| H16_A3320 | trpG | 21 | 6,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,3 | 0,372 | - | -2,0 | - | -2,0 | 2 | 0 | 0,492 | - | -2,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3321 | trpD1 | 39 | 6,2 | 0 | 0,0 | LA/SN | 5/7 | -1,4 | -5/1,9 | - | - | - | - | 5 | 7 | 0,6 | 0,295 | - | -3,2 | 8 | 0,9 | 9 | 1 | 0,205 | 8 | 0,9 | - | -3,2 | - | - | - | - | - | | | | | | | | | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|------|------|-------|--|--|-------------------------------------|-----------------|--|-------------------------------------|-------------------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---------------------------------------|-------|-------|------|----------|------|------|------|-------|----------|------|----------|------|------|------|------|------|------|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A3391 | | 69 | 6,7 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | LA/SN 14/10 | 1,6 | 0,4/3 | 9 | 1 | -2,6 | 0,016 | - | -4,2 | - | -4,2 | 2 | -2 | 0,020 | - | -4,2 | - | -4,2 | 46 | 12 | -1,9 | 0,010 | 52 | 0,2 | 22 | -1 | 18 | -1,4 | 0,016 | 39 | -0,2 | 36 | -0,3 | | | | | | |
| H16_A3394 | sspB | 18 | 4,8 | 0 | -0,4 | LA/SN 24/24 | 0,2 | -1,5/2 | - | - | - | - | 5 | 3 | -0,7 | 0,241 | 9 | 0,7 | 4 | -0,3 | - | -3,4 | 0,015 | - | -3,4 | - | -3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A3395 | sspA | 24 | 6,9 | 0 | -0,3 | LA/SN 47/50 | -0,1 | -0,9/0,9 | LA/SN 11/11 | -0,7 | -2,9/1,1 | 23 | 37 | 0,7 | 0,056 | 30 | 0,4 | 37 | 0,7 | 21 | -0,1 | 0,439 | 50 | 1,1 | 48 | 1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | | | | | | |
| H16_A3396 | qcrC | 28 | 7,9 | 1 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 36/35 | 0,9 | 0,3/1,6 | 6 | 3 | -0,9 | 0,205 | 3 | -0,9 | - | -3,6 | - | -3,6 | 0,057 | 4 | -0,7 | 5 | -0,2 | 124 | 73 | -0,8 | 0,094 | 121 | 0 | 86 | -0,5 | 88 | -0,5 | 0,197 | 142 | 0,2 | 100 | -0,3 | | | | | | | |
| H16_A3397 | qcrB | 53 | 8,7 | 12 | 0,6 | - | - | - | LA/SN 14/10 | 1,1 | 0,3/1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,2 | 0,092 | - | - | 2 | 2,1 | 24 | 45 | 0,9 | 0,028 | 53 | 1,1 | 54 | 1,1 | 39 | 0,7 | 0,066 | 72 | 1,6 | 55 | 1,2 | | | | | | | |
| H16_A3398 | qcrA | 22 | 6,3 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA/SN 15/5 | 1,0 | -0,1/2,2 | 4 | 6 | 0,6 | 0,293 | 10 | 1,4 | - | -2,9 | 2 | -0,7 | 0,238 | 9 | 1,3 | - | -2,9 | 35 | 28 | -0,3 | 0,238 | 26 | -0,4 | 26 | -0,4 | 30 | -0,2 | 0,132 | 25 | -0,5 | 36 | 0,1 | | | | | | | |
| H16_A3399 | mscL | 15 | 8,6 | 2 | 0,7 | - | - | - | LA/SN 38/38 | 0,5 | -0,4/1,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 13 | 13 | 0 | 0,492 | 24 | 0,9 | 15 | 0,2 | 11 | -0,2 | 0,384 | 21 | 0,8 | 21 | 0,7 | | | | | | | |
| H16_A3400 | | 27 | 6,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,4 | 0,365 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | 1 | 0,329 | 3 | 0,8 | - | -1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | | |
| H16_A3401 | | 42 | 5,6 | 1 | 0,1 | - | - | - | LA/SN 23/27 | -0,2 | -1,3/0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 19 | 16 | -0,2 | 0,095 | 22 | 0,2 | 25 | 0,4 | 15 | -0,3 | 0,292 | 20 | 0,1 | 24 | 0,3 | | | | | | |
| H16_A3402 | | 41 | 9,0 | 1 | -0,2 | LA/SN 29/26 | -0,1 | -0,9/1 | LA/SN 50/50 | 0,1 | -0,2/0,4 | 65 | 33 | -1 | 0,127 | 44 | -0,6 | 34 | -1 | 37 | -0,8 | 0,153 | 27 | -1,3 | 25 | -1,4 | ## | 104 1 | -0,4 | 0,341 | ## | -0,4 | 11 27 | -0,3 | ## | -0,1 | 0,460 | 118 9 | -0,2 | 115 8 | -0,3 | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3403 | tatC | 29 | 5,5 | 6 | 0,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 3 | -0,1 | 0,452 | - | -2,7 | - | -2,7 | 3 | -0,2 | 0,405 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | -2,7 | | | | | |
| H16_A3404 | tatB | 19 | 10,3 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - | -2,9 | 0,100 | - | -2,9 | 3 | -0,5 | 2 | -1 | 0,236 | - | -2,9 | 3 | -0,3 | - | - | - | - | | | |
| H16_A3405 | tatA | 8 | 9,1 | 1 | -0,3 | - | - | - | LA/SN 27/27 | 0,2 | -1/1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 13 | 10 | -0,4 | 0,252 | - | -4,7 | 3 | -1,9 | 8 | -0,6 | 0,261 | 4 | -1,6 | - | -4,7 | - | - | - | - | | | |
| H16_A3408 | hisE | 13 | 5,2 | 0 | -0,4 | SN 17 | 0,3 | -1,1/1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | | |
| H16_A3410 | hisF | 27 | 5,4 | 0 | 0,0 | LA/SN 24/20 | 0,0 | -1,1/1,3 | - | - | - | 7 | 7 | 0,1 | 0,437 | 5 | -0,3 | 7 | 0,1 | 7 | 0,1 | 0,451 | 11 | 0,7 | 7 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| H16_A3411 | hisA | 26 | 4,8 | 0 | 0,0 | LA/SN 28/32 | 0,4 | -1,2/1,4 | - | - | - | 35 | 24 | -0,5 | 0,213 | 20 | -0,8 | 20 | -0,8 | 15 | -1,2 | 0,095 | 32 | -0,1 | 17 | -1,1 | 2 | - | 0,7 | 0,382 | - | -1,9 | - | -1,9 | 1 | -1,2 | 0,265 | 4 | 1,1 | 7 | 1,9 | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3412 | hisH | 23 | 6,4 | 0 | -0,2 | LA/SN 23/23 | 0,1 | -1,5/1,7 | - | - | - | 7 | 9 | 0,4 | 0,259 | 5 | -0,4 | 6 | -0,2 | 4 | -0,7 | 0,176 | 12 | 0,8 | 14 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3413 | | 22 | 8,4 | 5 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,6 | 0,142 | - | - | 2 | 1,8 | 1 | 1,5 | 0,092 | - | - | - | 2 | 1,7 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3414 | hisB | 22 | 6,7 | 0 | -0,2 | LA/SN 14/18 | 0,3 | -1/1,4 | - | - | - | 3 | 5 | 1 | 0,140 | - | -2,4 | 5 | 0,9 | 1 | -1 | 0,101 | 5 | 1 | 6 | 1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3415 | hisC2 | 40 | 5,9 | 0 | 0,2 | LA/SN 23/18 | 0,8 | -0,4/1,9 | - | - | - | 14 | 11 | -0,4 | 0,113 | 17 | 0,2 | 16 | 0,2 | 13 | -0,2 | 0,352 | 17 | 0,3 | 9 | -0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3416 | hisD | 48 | 5,4 | 0 | -0,1 | LA/SN 21/16 | 0,1 | -1,3/1,2 | - | - | - | 12 | 12 | 0 | 0,473 | 13 | 0,1 | 12 | 0 | 10 | -0,3 | 0,242 | 9 | -0,4 | 14 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3417 | hisG | 24 | 8,1 | 0 | 0,2 | LA/SN 14/20 | -0,1 | -1,6/1,3 | - | - | - | 12 | 8 | -0,6 | 0,195 | 7 | -0,7 | 11 | -0,1 | 9 | -0,4 | 0,337 | 11 | -0,1 | 6 | -0,9 | 5 | - | -2,2 | 0,179 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | -3,2 | 0,134 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | -3,2 | | | |
| H16_A3418 | murA | 44 | 6,4 | 0 | 0,1 | LA/SN 19/20 | 0,0 | -1,1/1,5 | - | - | - | 19 | 16 | -0,2 | 0,234 | 7 | -1,3 | 16 | -0,2 | 14 | -0,4 | 0,122 | 16 | -0,2 | - | -5,2 | - | - | - | - | - | 14 | 4,2 | - | - | - | - | - | 9 | 3,6 | 11 | 3,9 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3419 | bolA | 9 | 6,5 | 0 | -0,5 | LA/SN 26/26 | 0,0 | -1,3/1,2 | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,094 | 3 | 1,3 | - | -1,4 | - | 0 | 0,495 | - | -1,4 | 4 | 1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3421 | | 35 | 6,8 | 0 | 0,0 | - | - | - | LA/SN 29/27 | 0,2 | -1/1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 13 | 9 | -0,5 | 0,151 | 12 | -0,1 | 22 | 0,8 | 11 | -0,2 | 0,303 | 17 | 0,4 | 15 | 0,2 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3423 | ttg2D | 23 | 9,5 | 0 | -0,3 | LA/SN 37/41 | -0,2 | -1,4/0,8 | SN 23 | - | - | 17 | 23 | 0,4 | 0,223 | 19 | 0,1 | 33 | 0,9 | 15 | -0,2 | 0,405 | 33 | 0,9 | 37 | 1,1 | 4 | - | -2,9 | 0,060 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -2,9 | 0,060 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -2,9 | - | -2,9 | | | |
| H16_A3424 | vacJ | 36 | 4,9 | 0 | -0,2 | - | - | - | LA/SN 8/9 | -0,1 | -1,3/1,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 1 | -2,5 | 0,011 | - | -3,8 | 5 | -0,4 | - | -3,8 | 0,014 | 3 | -1,1 | - | -3,8 | - | -3,8 | - | -3,8 | | |
| H16_A3425 | ttg2C | 18 | 8,9 | 1 | 0,2 | - | - | - | LA/SN 19/19 | 0,0 | -1,3/1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 12 | 5 | -1,2 | 0,066 | 10 | -0,3 | 9 | -0,4 | 4 | -1,8 | 0,041 | 12 | 0 | 9 | -0,5 | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3426 | ttg2B | 27 | 10,0 | 5 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 0,7 | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3427 | ttg2A | 29 | 6,0 | 0 | 0,2 | - | - | - | LA/SN 9/9 | -1,0 | -3,5/0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 7 | 0,2 | 0,382 | - | -3,6 | 6 | -0,1 | 8 | 0,3 | 0,056 | 9 | 0,5 | 9 | 0,5 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3430 | gltD | 53 | 5,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 20/22 | -0,9 | -1,8/-0,1 | LA/SN 6/6 | -0,4 | -1,3/0,6 | 16 | 9 | -0,8 | 0,020 | 17 | 0,1 | 12 | -0,4 | 9 | -0,9 | 0,010 | 15 | -0,2 | 10 | -0,6 | - | - | - | - | - | 12 | 4,6 | 3 | 2,8 | - | - | - | 21 | 5,4 | 21 | 5,4 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3431 | gltB1 | 175 | 6,6 | 0 | -0,2 | LA/SN 17/20 | -0,7 | -1,5/0,6 | LA/SN 12/12 | -1,1 | -2,2/-0,2 | 81 | 41 | -1 | 0,031 | 43 | -0,9 | 55 | -0,6 | 32 | -1,4 | 0,009 | 41 | -1 | 49 | -0,7 | 18 | 20 | 0,1 | 0,464 | 64 | 1,8 | 22 | 0,3 | 11 | -0,7 | 0,271 | 44 | 1,3 | 56 | 1,6 | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3433 | dgt | 43 | 7,1 | 0 | -0,4 | LA 7 | - | - | - | - | - | 2 | 3 | 0,4 | 0,342 | 10 | 2 | 2 | -0,3 | 4 | 0,6 | 0,272 | 4 | 0,6 | - | -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A3434 | aroB | 39 | 6,3 | 0 | 0,1 | LA/SN 11/11 | 0,1 | -1,1/1,2 | - | - | - | 11 | 17 | 0,7 | 0,038 | 21 | 1 | 19 | 0,9 | 17 | 0,7 | 0,049 | 23 | 1,1 | 14 | 0,4 | - | 3 | 2,5 | 0,075 | - | - | - | - | 3 | 2,5 | 0,023 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3436 | pilQ2 | 76 | 9,2 | 1 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 18/13 | 0,1 | -1,4/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 | -1,7 | 0,066 | 20 | 2 | - | -3,4 | 2 | -1,6 | 0,063 | 15 | 1,5 | 8 | 0,6 | - | - | - | - | - | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-------------|--------------------------|-------------------------------------|----------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---------------------------------------|-------|------|-----|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | ØNSC A | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_A3437 | <i>pilP2</i> | 20 | 9,4 | 0 | -0,5 | - | - | - | LA/SN 10/15 | 0,4 | -2,1/3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -2,8 | - | | |
| H16_A3438 | <i>pilO2</i> | 24 | 7,4 | 1 | -0,2 | - | - | - | LA/SN 11/16 | -1,0 | -2,3/0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -3,4 | 4 | -0,4 | | |
| H16_A3439 | <i>pilN2</i> | 24 | 9,7 | 1 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 13/17 | -0,3 | -2,1/2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -3,1 | 2 | -0,9 | | |
| H16_A3441 | | 84 | 6,7 | 1 | -0,2 | - | - | - | LA/SN 24/22 | -0,3 | -1,1/0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 33 | -0,2 | 37 | 0 | |
| H16_A3442 | | 12 | 4,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -2 | 0,166 | 9 | 2,1 | 4 | 1,1 | - | -2 | 0,166 | - | -2 | - | - | - | |
| H16_A3443 | <i>lysA2</i> | 45 | 5,6 | 0 | 0,0 | LA/SN 17/17 | 0,0 | -0,9/1,1 | - | - | - | 7 | 5 | -0,6 | 0,230 | 13 | 0,8 | 5 | -0,5 | 4 | -0,7 | 0,212 | 7 | 0 | - | -3,9 | - | |
| H16_A3445 | | 37 | 9,6 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,5 | 0,258 | - | -2,2 | - | -2,2 | 2 | -0,1 | 0,460 | 3 | 0,2 | - | -2,2 | - | |
| H16_A3446 | | 30 | 9,2 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3448 | | 15 | 9,3 | 1 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 30/23 | 1,8 | 0,6/2,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3449 | | 44 | 8,7 | 10 | 0,6 | - | - | - | LA | 6 | 1,0 | -0,6/2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3450 | <i>resB</i> | 79 | 9,1 | 4 | -0,1 | - | - | - | LA/SN 8/6 | 1,0 | 0/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3451 | | 23 | 9,4 | 1 | -0,1 | LA/SN 31/9 | 2,2 | 0,3/4,5 | LA/SN 38/36 | 1,1 | 0,2/1,8 | 17 | 16 | -0,1 | 0,460 | 5 | -1,6 | 15 | -0,1 | 8 | -1,1 | 0,202 | 23 | 0,5 | 23 | 0,5 | | |
| H16_A3452 | | 26 | 8,7 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | 3 | 5 | 0,6 | 0,256 | - | -2,7 | 3 | -0,1 | 4 | 0,3 | 0,290 | - | -2,7 | - | -2,7 | - | |
| H16_A3453 | <i>hemB</i> | 37 | 5,4 | 0 | -0,2 | LA/SN 29/22 | 0,7 | -0,6/1,8 | - | - | - | 9 | 16 | 0,8 | 0,030 | 19 | 1,1 | 18 | 1 | 10 | 0,2 | 0,342 | 24 | 1,4 | 9 | 0 | - | |
| H16_A3454 | <i>corA3</i> | 45 | 7,7 | 2 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3455 | <i>dsbD</i> | 66 | 8,8 | 9 | 0,5 | - | - | - | LA/SN 15/10 | 0,4 | -1,4/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3456 | <i>cutA</i> | 14 | 5,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,1 | - | - | - | |
| H16_A3457 | <i>rplQ</i> | 15 | 10,7 | 0 | -0,6 | LA/SN 32/37 | -0,7 | -1,5/0,1 | SN | 15 | -0,9 | -1,6/0 | 9 | 16 | 0,8 | 0,333 | 10 | 0 | 9 | 0 | - | 0 | 0,497 | 33 | 1,8 | 46 | 2,3 | |
| H16_A3458 | <i>rpoA</i> | 36 | 5,7 | 0 | -0,1 | LA/SN 40/48 | -0,1 | -0,6/0,4 | - | - | - | 61 | 46 | -0,4 | 0,065 | 54 | -0,2 | 57 | -0,1 | 50 | -0,3 | 0,100 | 50 | -0,3 | 37 | -0,7 | - | |
| H16_A3459 | <i>rpsD</i> | 23 | 10,1 | 0 | -0,7 | LA/SN 63/62 | -0,6 | -1,1/-0,2 | LA/SN 37/49 | -0,5 | -1,9/0,7 | 70 | 52 | -0,4 | 0,105 | 36 | -1 | 35 | -1 | 41 | -0,8 | 0,064 | 63 | -0,2 | 71 | 0 | 17 | |
| H16_A3460 | <i>rpsK</i> | 14 | 11,4 | 0 | -0,5 | LA/SN 36/36 | -0,7 | -1,8/0,1 | LA/SN 30/36 | -0,6 | -1,3/0,1 | 19 | 8 | -1,2 | 0,208 | - | -5,2 | 18 | -0,1 | - | -1,1 | 0,246 | 30 | 0,7 | 32 | 0,8 | 12 | |
| H16_A3461 | <i>rpsM</i> | 14 | 10,8 | 0 | -0,8 | LA/SN 30/42 | -1,3 | -4,8/3,4 | - | - | - | 5 | 3 | -0,6 | 0,348 | 5 | 0,1 | 6 | 0,3 | - | -3,4 | 0,094 | 12 | 1,2 | 24 | 2,2 | - | |
| H16_A3464 | <i>secY</i> | 48 | 9,8 | 10 | 0,6 | - | - | - | LA/SN 6/5 | -0,3 | -1,2/0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | |
| H16_A3465 | <i>rplO</i> | 15 | 10,9 | 0 | -0,3 | LA/SN 47/46 | -0,7 | -1,5/0,1 | LA/SN 25/40 | -0,6 | -1,2/-0,1 | 9 | 9 | 0 | 0,493 | 13 | 0,5 | 5 | -0,9 | - | 0,7 | 0,364 | 24 | 1,4 | 23 | 1,3 | 4 | |
| H16_A3466 | <i>rpmD</i> | 7 | 11,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,9 | 0,103 | 7 | 2 | - | -1,9 | - | 0 | 0,493 | - | -1,9 | 7 | 2 | - | |
| H16_A3467 | <i>rpsE</i> | 18 | 10,1 | 0 | -0,2 | LA/SN 60/58 | -0,5 | -1,2/0,2 | LA/SN 42/47 | -0,6 | -1,6/0,4 | 31 | - | -2 | 0,097 | 10 | -1,7 | 38 | 0,3 | - | -1,7 | 0,118 | 23 | -0,5 | 10 | -1,6 | 18 | |
| H16_A3468 | <i>rplR</i> | 13 | 10,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 27/28 | -1,0 | -1,8/-0,2 | LA/SN 30/30 | 0,7 | -2,2/5 | 9 | 7 | -0,3 | 0,417 | 10 | 0,1 | 4 | -1,2 | 5 | -0,9 | 0,280 | 7 | -0,3 | 14 | 0,6 | 10 | |
| H16_A3469 | <i>rplF</i> | 19 | 9,7 | 0 | -0,3 | LA/SN 78/67 | -0,6 | -1,2/0,1 | LA/SN 63/60 | -0,7 | -1,2/0,2 | 32 | 15 | -1 | 0,184 | 25 | -0,4 | 4 | -3 | 21 | -0,6 | 0,298 | 26 | -0,3 | 34 | 0,1 | 29 | |
| H16_A3470 | <i>rpsH</i> | 14 | 9,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 28/34 | -0,6 | -1,3/0,2 | SN | 21 | -0,6 | -1,7/0,5 | 15 | 9 | -0,8 | 0,262 | 3 | -2,2 | 14 | -0,1 | - | -1,3 | 0,211 | 19 | 0,3 | 30 | 1 | 4 |
| H16_A3471 | <i>rpsN</i> | 12 | 10,8 | 0 | -0,9 | LA/SN 34/42 | -0,7 | -1,8/0,6 | - | - | - | 9 | 5 | -0,8 | 0,315 | 4 | -1,1 | 9 | 0 | 3 | -1,5 | 0,219 | - | -4,2 | 20 | 1,2 | 4 | |
| H16_A3472 | <i>rplE</i> | 20 | 9,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 60/66 | -0,8 | -1,3/-0,2 | LA/SN 46/47 | -0,6 | -1,4/0,2 | 21 | 17 | -0,3 | 0,404 | 33 | 0,6 | 15 | -0,5 | - | -0,5 | 0,352 | 24 | 0,2 | 31 | 0,6 | 14 | |
| H16_A3473 | <i>rplX</i> | 11 | 10,5 | 0 | -0,1 | LA/SN 44/45 | -0,6 | -1,8/0,5 | LA/SN 30/30 | -0,6 | -1,4/0,2 | 5 | - | 1,2 | 0,318 | 10 | 0,9 | 4 | -0,3 | - | -0,7 | 0,339 | 2 | -1,4 | 20 | 2 | - | |
| H16_A3474 | <i>rplN</i> | 13 | 10,3 | 0 | -0,1 | LA/SN 47/54 | -0,5 | -1,2/0,1 | LA/SN 42/50 | -0,7 | -1,3/-0,1 | 7 | 3 | -1,4 | 0,182 | 3 | -1 | 7 | 0,1 | 7 | 0,1 | 0,467 | - | -3,7 | 9 | 0,5 | 8 | |
| H16_A3475 | <i>rpsQ</i> | 11 | 9,9 | 0 | -0,7 | LA/SN 27/27 | -0,8 | -2,6/0,6 | SN | 22 | -0,7 | -1,8/0,4 | 8 | 5 | -0,7 | 0,301 | - | -4 | - | -4 | - | -1,7 | 0,181 | 7 | -0,1 | - | -4 | - |

[illegible]

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-------|--|--|---------------------------------------|--|-------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | ØNSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert |
| ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | ØNSC A | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | ØNSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | |
| H16_A3600 | | 32 | 8,0 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,1 | 0,148 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_A3602 | <i>pyk2</i> | 52 | 6,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,9 | 0,149 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | -1,4 | 0,248 | - | -1,9 | - | - | -1,9 | |
| H16_A3603 | | 32 | 6,3 | 1 | -0,4 | LA | 10 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,3 | 0,421 | - | -2,6 | 5 | 0,8 | 4 | 0,4 | 0,375 | - | -2,6 | 2 | -0,3 | | |
| H16_A3604 | <i>acrB11</i> | 112 | 8,8 | 12 | 0,3 | - | - | - | - | LA/SN | 3/8 | -0,7 | -2,6/1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 0,4 | 0,375 | - | -2,6 | 2 | -0,3 | | |
| H16_A3606 | <i>greA2</i> | 15 | 4,7 | 0 | -0,1 | SN | 58 | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 26 | 0,7 | 0,240 | 24 | 0,5 | 34 | 1 | 25 | 0,6 | 0,201 | 37 | 1,2 | 31 | 0,9 | | |
| H16_A3614 | | 30 | 6,4 | 1 | 0,1 | LA | 9 | - | - | LA/SN | 27/23 | 0,9 | 0,2/1,4 | - | - | 9 | 60 | -0,3 | 0,283 | 122 | 0,7 | 10 1 | 0,5 | 61 | -0,3 | 0,319 | 115 | 0,7 | 94 | 0,4 | | |
| H16_A3615 | <i>hemN</i> | 57 | 7,7 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,1 | 0,182 | 6 | 3,7 | 5 | 3,4 | 2 | 1,6 | 0,136 | 7 | 3,7 | 12 | 4,6 | | |
| H16_A3617 | <i>uvrD3</i> | 81 | 6,3 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | - | -1,9 | 0,163 | - | -2,6 | - | -2,6 | - | -2,6 | 0,106 | - | -2,6 | - | -2,6 | | |
| H16_A3619 | <i>gcvT1</i> | 40 | 5,8 | 0 | 0,0 | LA/SN | 20/10 | 1,3 | -0,6/3 | - | - | - | - | - | - | 4 | 15 | 2 | 0,007 | 20 | 2,5 | 12 | 1,7 | 36 | 3,3 | 0,078 | 9 | 1,3 | - | -2,9 | | |
| H16_A3620 | <i>gcvH</i> | 13 | 4,3 | 0 | 0,1 | LA | 21 | 1,5 | -0,3/3,6 | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,2 | 0,181 | 7 | 3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3621 | <i>gcvP</i> | 105 | 6,0 | 0 | -0,1 | LA/SN | 15/14 | 1,3 | -0,2/2,1 | - | - | - | - | - | - | 23 | 37 | 0,7 | 0,095 | 16 | -0,5 | 40 | 0,8 | 42 | 0,9 | 0,050 | 35 | 0,6 | 40 | 0,8 | - | 2,2 |
| H16_A3622 | <i>sdaA</i> | 48 | 6,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,6 | 0,156 | - | - | - | - | 1 | 1,2 | 0,115 | - | - | - | - | - | |
| H16_A3623 | | 27 | 6,3 | 0 | -0,3 | LA | 16 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,4 | 0,332 | - | -2,5 | - | -2,5 | 4 | 0,3 | 0,309 | 3 | 0 | - | -2,5 | | |
| H16_A3624 | | 17 | 5,7 | 0 | -0,2 | LA | 13 | 0,5 | -0,8/1,9 | - | - | - | - | - | - | 2 | 3 | 0,8 | 0,254 | 3 | 1 | 5 | 1,7 | - | 0,5 | 0,403 | | | | | | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------------|---------|-----|------|-------|--|-----------|-------------------------------------|--------------------------|-------------------|-----------|-------------------------------------|--------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|-----|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | SeqAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | Ident. | SeqAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | |
| H16_A3723 | | 34 | 9,6 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| H16_A3724 | <i>lpdaA</i> | 50 | 9,3 | 0 | -0,1 | LA | 4 | - | - | LA | 6 | - | - | 2 | 3 | 0,4 | 0,413 | - | -2 | - | -2 | 3 | 0,4 | 0,381 | - | -2 | - | -2 | |
| H16_A3725 | | 53 | 6,7 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -2,5 | | |
| H16_A3726 | | 25 | 6,0 | 0 | 0,0 | LA | 11 | 0,7 | -0,4/1,8 | - | - | - | - | 1 | 3 | 1,2 | 0,074 | 4 | 1,7 | - | -1,4 | 5 | 1,8 | 0,210 | 4 | 1,5 | - | -1,4 | |
| H16_A3728 | | 29 | 6,4 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1,7 | 0,092 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3729 | | 43 | 9,6 | 1 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 25/20 | 0,6 | -0,8/1,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3730 | <i>acrB7b</i> | 113 | 8,9 | 12 | 0,3 | - | - | - | - | LA/SN 18/12 | 0,8 | -0,1/1,5 | 3 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | -2,5 | 0,151 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | |
| H16_A3731 | | 54 | 6,0 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | LA/SN 29/24 | 0,6 | -0,5/2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_A3737 | | 57 | 7,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | -2 | |
| H16_A3744 | | 61 | 8,9 | 4 | 0,1 | - | - | - | - | LA/SN 16/23 | -0,5 | -2/1,1 | 4 | - | -3,1 | 0,104 | - | -3,1 | - | -3,1 | - | -3,1 | 0,104 | - | -3,1 | - | -3,1 | - | 0,1 |
| H16_B0001 | <i>repA2</i> | 41 | 9,7 | 0 | -0,4 | LA | 6 | - | - | SN | 6 | - | - | 2 | - | -1,8 | 0,092 | - | -1,8 | - | -1,8 | 1 | -0,3 | 0,416 | - | -1,8 | - | -1,8 | |
| H16_B0002 | | 7 | 8,5 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | 3 | 2,6 | - | - | - | - | - | 4 | 3,1 | - | |
| H16_B0003 | <i>parA3</i> | 23 | 6,0 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0004 | <i>parB3</i> | 37 | 7,9 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | LA/SN 19/21 | 0,1 | -1,2/1,3 | 7 | 1 | -2,7 | 0,029 | - | -3,8 | - | -3,8 | 5 | -0,5 | 0,239 | - | -3,8 | - | -3,8 | - | |
| H16_B0051 | <i>leuD4</i> | 17 | 7,8 | 0 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,1 | 0,145 | - | -1,1 | - | -1,1 | - | -1,1 | 0,145 | - | -1,1 | - | -1,1 | |
| H16_B0053 | | 36 | 9,5 | 0 | 0,2 | LA/SN 12/8 | 1,4 | -0,1/2,7 | - | - | - | - | - | 7 | 8 | 0,3 | 0,285 | 18 | 1,4 | 11 | 0,7 | 11 | 0,6 | 0,028 | 22 | 1,7 | 12 | 0,7 | |
| H16_B0054 | | 29 | 9,6 | 0 | -0,2 | LA | 17 | 0,5 | -1,1/2 | LA | 17 | 1,7 | 0,5/3 | 5 | 2 | -1,5 | 0,066 | 7 | 0,6 | 10 | 1,1 | 7 | 0,5 | 0,112 | 11 | 1,2 | 8 | 0,8 | |
| H16_B0061 | | 40 | 9,5 | 0 | 0,0 | LA/SN 27/10 | 1,7 | -1,7/3,3 | - | - | - | - | - | 29 | 13 | -1,2 | 0,109 | 22 | -0,4 | 11 | -1,4 | 13 | -1,2 | 0,109 | 26 | -0,1 | 15 | -1 | |
| H16_B0062 | | 27 | 6,4 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | LA/SN 17/9 | - | - | - | 3 | - | -2,7 | 0,044 | - | -2,7 | - | -2,7 | 3 | -0,1 | 0,438 | - | -2,7 | - | -2,7 | |
| H16_B0066 | | 34 | 9,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3 | -0,3 | 0,359 | 3 | -0,3 | - | -3,0 | 3 | -0,5 | 0,292 | - | -3,0 | - | -3,0 | |
| H16_B0067 | | 37 | 9,0 | 0 | 0,0 | LA/SN 6/6 | 0,6 | -2,3/2,1 | - | - | - | - | - | 4 | 6 | 0,6 | 0,267 | 10 | 1,3 | 5 | 0,4 | 5 | 0,3 | 0,255 | 9 | 1,2 | 10 | 1,4 | |
| H16_B0070 | <i>amn</i> | 55 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 9/8 | 0,5 | -1,1/2,2 | - | - | - | - | - | 8 | 3 | -1,2 | 0,060 | 7 | -0,1 | - | -4,0 | 3 | -1,6 | 0,036 | - | -4,0 | 2 | -1,9 | |
| H16_B0080 | <i>ompW2</i> | 24 | 8,7 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 3,8 | 0,109 | 5 | 3,4 | 2 | 2,0 | - | - | - | 6 | 3,7 | 12 | 4,5 | |
| H16_B0081 | <i>leuA2</i> | 62 | 5,6 | 0 | -0,2 | LA | 13 | 3,9 | 2,6/5 | - | - | - | - | 4 | 19 | 2,2 | 0,001 | 7 | 0,9 | 7 | 0,8 | 6 | 0,6 | 0,146 | - | -3,0 | 4 | 0 | |
| H16_B0084 | | 67 | 8,7 | 7 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0090 | <i>lldP2</i> | 59 | 9,5 | 14 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0091 | | 53 | 8,0 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0102 | | 34 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA/SN 7/8 | -0,8 | -1,7/0,2 | - | - | - | - | - | 5 | 8 | 0,7 | 0,103 | - | -3,2 | 6 | 0,4 | 7 | 0,6 | 0,324 | 4 | -0,3 | - | -3,2 | |
| H16_B0103 | <i>fumC</i> | 50 | 6,2 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | - | -2,1 | 0,071 | - | -3,4 | - | -3,4 | 2 | -1,2 | 0,123 | 2 | -1,5 | 4 | -0,3 | |
| H16_B0108 | | 116 | 5,7 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | LA | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0116 | <i>fur</i> | 18 | 6,3 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -2,3 | 0,021 | - | -2,3 | - | -2,3 | - | -2,3 | 0,021 | - | -2,3 | - | -2,3 | - |
| H16_B0124 | <i>fusA2</i> | 77 | 5,8 | 0 | -0,3 | LA/SN 17/16 | 0,1 | -1,2/1,6 | - | LA | 7 | - | - | 85 | 59 | -0,5 | 0,127 | 95 | 0,2 | 57 | -0,6 | 71 | -0,3 | 0,246 | 95 | 0,2 | 108 | 0,3 | |
| H16_B0126 | | 27 | 9,2 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,4 | 0,376 | - | -1,1 | - | -1,1 | 3 | 1,5 | 0,101 | - | -1,1 | - | -1,1 | |
| H16_B0132 | | 35 | 7,8 | 4 | 0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0140 | | 30 | 8,2 | 0 | -0,1 | LA | 7 | 0,8 | -0,3/1,9 | - | - | - | - | 5 | 3 | -0,7 | 0,128 | - | -3,3 | 4 | -0,3 | - | -1,2 | 0,169 | 9 | 0,9 | 6 | 0,3 | |
| H16_B0141 | | 36 | 7,1 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,6 | 0,117 | - | -2,4 | - | -2,4 | 3 | 0,1 | 0,396 | - | -2,4 | - | -2,4 | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|-------------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--------|--|-------------------------------------|--------|---|--|--|---|--|--|---|---|--|--|---|--|--|--|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (A/+O ₂) ØNSC A | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) ØNSC D | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) ØNSC A | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) ØNSC D | p-Wert Log ₂ (E/+O ₂) NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) NSC F | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B0144 | <i>acoA</i> | 35 | 5,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | 3 | -2,5 0,020 | -2,5 | 4 0,5 | 8 1,5 0,025 | -2,5 | -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | GRAVY | TMHs | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|--------------|---------|------|-------|------|--|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-----|------|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | | | |
| H16_B0492 | | 21 | 6,4 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 1,8 | 0,092 | 4 | 2,6 | 5 | 2,8 | 3 | 2 | 0,229 | 4 | 2,4 | 2 | 1,6 | |
| H16_B0494 | | 45 | 6,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 3 | 0,8 | 0,144 | - | -1,6 | 7 | 2,2 | 10 | 2,7 | 0,110 | - | -1,6 | - | -1,6 | |
| H16_B0508 | <i>dadA6</i> | 46 | 9,1 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0509 | | 86 | 9,1 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0510 | | 44 | 8,8 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0512 | | 35 | 9,7 | 0 | 0,1 | LA | 11 | - | - | - | - | - | - | 5 | 2 | -1,2 | 0,068 | 4 | -0,2 | 9 | 0,9 | 7 | 0,4 | 0,013 | 6 | 0,4 | 4 | -0,2 | |
| H16_B0519 | | 23 | 5,7 | 1 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0520 | | 111 | 5,2 | 3 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN | 8/8 | -0,4 | -1,8/1,7 | 2 | - | -1,7 | 0,123 | - | -1,7 | - | -1,7 | - | -1,7 | 0,123 | - | -1,7 | - | -1,7 | - |
| H16_B0537 | | 35 | 9,5 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0538 | <i>poxR</i> | 63 | 6,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,7 | 0,123 | - | -0,7 | - | -0,7 | - | -0,7 | 0,123 | - | -0,7 | - | -0,7 | |
| H16_B0554 | <i>tdcB</i> | 34 | 7,2 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,108 | 3 | 1,3 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,108 | - | -1,4 | - | -1,4 | |
| H16_B0559 | | 20 | 9,3 | 0 | -0,3 | LA/SN | 18/12 | 0,8 | -0,1/1,7 | - | - | - | - | 5 | 3 | -0,5 | 0,279 | 4 | -0,2 | 4 | -0,2 | - | -1,6 | 0,085 | 5 | 0,2 | 4 | -0,2 | |
| H16_B0567 | <i>fliL</i> | 17 | 10,2 | 1 | 0,2 | - | - | - | - | LA/SN | 22/15 | 0,9 | -0,7/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0568 | <i>acnB</i> | 93 | 5,9 | 0 | -0,1 | LA/SN | 14/28 | -2,2 | -3,2/-0,7 | LA/SN | 5/5 | -3,0 | -5/-0,2 | 50 | 200 | 2 | 0,002 | 72 | 0,5 | 240 | 2,3 | 200 | 2 | 0,007 | 90 | 0,9 | 113 | 1,2 | |
| H16_B0571 | | 26 | 7,6 | 0 | -0,3 | LA | 10 | - | - | - | - | - | - | 4 | 2 | -1,2 | 0,070 | 3 | -0,2 | 4 | 0,2 | 5 | 0,5 | 0,323 | 5 | 0,6 | - | -2,8 | |
| H16_B0578 | | 32 | 7,4 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,108 | - | -1,4 | - | -1,4 | 1 | 0,1 | 0,458 | - | -1,4 | - | -1,4 | |
| H16_B0580 | | 43 | 6,9 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 2 | 0,7 | 0,299 | - | -1,1 | - | -1,1 | 2 | 0,8 | 0,263 | - | -1,1 | - | -1,1 | |
| H16_B0581 | <i>acrC8</i> | 44 | 8,9 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | LA/SN | 13/17 | 0,0 | -1,2/1,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0582 | <i>acrA8</i> | 42 | 8,9 | 0 | 0,0 | SN | 6 | - | - | LA/SN | 19/22 | -0,1 | -1,7/1,2 | 2 | - | -2,3 | 0,047 | - | -2,3 | - | -2,3 | - | -1,7 | 0,104 | - | -2,3 | - | -2,3 | |
| H16_B0583 | <i>acrB8</i> | 114 | 7,4 | 11 | 0,3 | - | - | - | - | LA/SN | 6/9 | -0,6 | -1,9/0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0589 | | 53 | 6,2 | 0 | 0,2 | LA/SN | 5/4 | 0,6 | -0,7/1,9 | - | - | - | - | 8 | 3 | -1,3 | 0,120 | - | -3,9 | - | -3,9 | 3 | -1,2 | 0,027 | - | -3,9 | 4 | -0,8 | |
| H16_B0590 | | 14 | 7,3 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,6 | 0,094 | - | -1,6 | 3 | 1 | - | -1,6 | 0,094 | - | -1,6 | - | -1,6 | |
| H16_B0591 | | 41 | 6,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -2,0 | 0,066 | - | -2,0 | - | -2,0 | - | -2,0 | 0,066 | - | -2,0 | - | -2,0 | |
| H16_B0592 | | 15 | 5,5 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -0,9 | 0,303 | - | -2 | - | -2 | - | -2 | 0,124 | - | -2 | - | -2 | |
| H16_B0601 | | 27 | 6,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,108 | - | -1,4 | - | -1,4 | 1 | -0,2 | 0,421 | - | -1,4 | - | -1,4 | |
| H16_B0623 | | 21 | 5,8 | 0 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,3 | 0,095 | 3 | 2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0675 | | 40 | 5,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2 | -0,9 | 0,142 | 4 | 0,5 | - | -2,6 | 2 | -0,4 | 0,351 | - | -2,6 | - | -2,6 | |
| H16_B0676 | | 45 | 6,7 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 4 | -0,1 | 0,451 | 5 | 0,5 | - | -2,9 | 3 | -0,6 | 0,293 | 6 | 0,7 | - | -2,9 | |
| H16_B0678 | | 34 | 9,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0679 | | 32 | 6,6 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,4 | 0,365 | - | -1,7 | - | -1,7 | 2 | 0,7 | 0,091 | - | -1,7 | - | -1,7 | |
| H16_B0687 | | 32 | 6,9 | 0 | 0,0 | LA | 8 | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | -0,2 | 0,379 | 2 | 0,2 | - | -1,9 | 1 | -0,4 | 0,318 | 2 | -0,1 | - | -1,9 | |
| H16_B0700 | <i>prkA</i> | 73 | 5,5 | 0 | -0,4 | LA | 6 | 0,7 | -0,5/1,9 | LA | 8 | 1,7 | 1,1/2,6 | 5 | 11 | 1 | 0,137 | 14 | 1,4 | 24 | 2,2 | 38 | 2,8 | 0,002 | 9 | 0,8 | 9 | 0,8 | |
| H16_B0712 | <i>mscS2</i> | 82 | 10,5 | 12 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0713 | | 27 | 7,8 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -0,8 | 0,341 | - | -1,5 | - | -1,5 | 2 | 0,6 | 0,368 | - | -1,5 | - | -1,5 | |
| H16_B0724 | | 74 | 6,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| H16_B0741 | | 19 | 7,4 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | -1,9 | 0,043 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | -1,9 | 0,043 | - | -1,9 | - | -1,9 | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-----------------|--------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-----------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | p-Wert | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (G/+O ₂) | NSC G | p-Wert | Log ₂ (H/+O ₂) | NSC H | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B0747 | | 32 | 5,5 | 0 | -0,3 | LA/SN 13/9 | 0,3 | -1,1/1,4 | - | - | - | 5 | 3 | -0,5 | 0,227 | 11 | 1,1 | 6 | 0,3 | 6 | 0,2 | 0,325 | 4 | -0,4 | 7 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|---------|---------|----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--------|--|-------------------------------------|--------|---|--|--|---|---|--|--|----------------------|---------------------------------------|---|--|--|---|---|--|--|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | ØNSC A | p-Wert Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B1374 | | 33 | 6,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0 | 0,478 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | -1,5 | 0,028 | - | -1,5 | - | -1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|----------------------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (G/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (G/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B1505 | | 13 | 9,6 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|---------|---------|------|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | ØNSC A | p-Wert | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | p-Wert | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B1672 | | 13 | 10,1 | 0 | -0,2 | LA | 13 | 1,5 | 0,2/3,4 | - | - | - | - | 3 | - | -1,4 | 0,190 | 4 | 0,6 | - | -2,5 | - | -0,4 | 0,411 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

[illegible]

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|---------|---------|----|------|-------|--|------------|-------------------------------------|--------------------------|-------------------|------------|-------------------------------------|--------------------------|-------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|--|--------|--------|--|---------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | Ident. | SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | ØNSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | p-Wert | NSC G | Log ₂ (G/+O ₂) | ØNSC H | Log ₂ (H/+O ₂) | p-Wert | NSC I | Log ₂ (I/+O ₂) | ØNSC J | Log ₂ (J/+O ₂) | p-Wert | NSC K | Log ₂ (K/+O ₂) | ØNSC L | Log ₂ (L/+O ₂) | p-Wert | NSC M | Log ₂ (M/+O ₂) | ØNSC N | Log ₂ (N/+O ₂) | p-Wert | NSC O | Log ₂ (O/+O ₂) | ØNSC P | Log ₂ (P/+O ₂) | p-Wert | NSC Q | Log ₂ (Q/+O ₂) | ØNSC R | Log ₂ (R/+O ₂) | p-Wert | NSC S | Log ₂ (S/+O ₂) | ØNSC T | Log ₂ (T/+O ₂) | p-Wert | NSC U | Log ₂ (U/+O ₂) | ØNSC V | Log ₂ (V/+O ₂) | p-Wert | NSC W | Log ₂ (W/+O ₂) | ØNSC X | Log ₂ (X/+O ₂) | p-Wert | NSC Y | Log ₂ (Y/+O ₂) | ØNSC Z | Log ₂ (Z/+O ₂) | p-Wert | NSC AA | Log ₂ (AA/+O ₂) | ØNSC AB | Log ₂ (AB/+O ₂) | p-Wert | NSC AC | Log ₂ (AC/+O ₂) | ØNSC AD | Log ₂ (AD/+O ₂) | p-Wert | NSC AE | Log ₂ (AE/+O ₂) | ØNSC AF | Log ₂ (AF/+O ₂) | p-Wert | NSC AG | Log ₂ (AG/+O ₂) | ØNSC AH | Log ₂ (AH/+O ₂) | p-Wert | NSC AI | Log ₂ (AI/+O ₂) | ØNSC AJ | Log ₂ (AJ/+O ₂) | p-Wert | NSC AK | Log ₂ (AK/+O ₂) | ØNSC AL | Log ₂ (AL/+O ₂) | p-Wert | NSC AM | Log ₂ (AM/+O ₂) | ØNSC AN | Log ₂ (AN/+O ₂) | p-Wert | NSC AO | Log ₂ (AO/+O ₂) | ØNSC AP | Log ₂ (AP/+O ₂) | p-Wert | NSC AQ | Log ₂ (AQ/+O ₂) | ØNSC AR | Log ₂ (AR/+O ₂) | p-Wert | NSC AS | Log ₂ (AS/+O ₂) | ØNSC AT | Log ₂ (AT/+O ₂) | p-Wert | NSC AU | Log ₂ (AU/+O ₂) | ØNSC AV | Log ₂ (AV/+O ₂) | p-Wert | NSC AW | Log ₂ (AW/+O ₂) | ØNSC AX | Log ₂ (AX/+O ₂) | p-Wert | NSC AY | Log ₂ (AY/+O ₂) | ØNSC AZ | Log ₂ (AZ/+O ₂) | p-Wert | NSC BA | Log ₂ (BA/+O ₂) | ØNSC BB | Log ₂ (BB/+O ₂) | p-Wert | NSC BC | Log ₂ (BC/+O ₂) | ØNSC BD | Log ₂ (BD/+O ₂) | p-Wert | NSC BE | Log ₂ (BE/+O ₂) | ØNSC BF | Log ₂ (BF/+O ₂) | p-Wert | NSC BG | Log ₂ (BG/+O ₂) | ØNSC BH | Log ₂ (BH/+O ₂) | p-Wert | NSC BI | Log ₂ (BI/+O ₂) | ØNSC BJ | Log ₂ (BJ/+O ₂) | p-Wert | NSC BK | Log ₂ (BK/+O ₂) | ØNSC BL | Log ₂ (BL/+O ₂) | p-Wert | NSC BM | Log ₂ (BM/+O ₂) | ØNSC BN | Log ₂ (BN/+O ₂) | p-Wert | NSC BO | Log ₂ (BO/+O ₂) | ØNSC BP | Log ₂ (BP/+O ₂) | p-Wert | NSC BQ | Log ₂ (BQ/+O ₂) | ØNSC BR | Log ₂ (BR/+O ₂) | p-Wert | NSC BS | Log ₂ (BS/+O ₂) | ØNSC BT | Log ₂ (BT/+O ₂) | p-Wert | NSC BU | Log ₂ (BU/+O ₂) | ØNSC BV | Log ₂ (BV/+O ₂) | p-Wert | NSC BU | Log ₂ (BU/+O ₂) | ØNSC BV | Log ₂ (BV/+O ₂) | p-Wert | NSC BW | Log ₂ (BW/+O ₂) | ØNSC BX | Log ₂ (BX/+O ₂) | p-Wert | NSC BW | Log ₂ (BW/+O ₂) | ØNSC BX | Log ₂ (BX/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | p-Wert | NSC BY | Log ₂ (BY/+O ₂) | ØNSC BY |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|---------|---------|----|------|-------|--|--|-------------------------------------|--|-------------------|--|-------------------------------------|--|-------------------|---|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) SequAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | | ØNSC A | Log ₂ (A/+O ₂) p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------|------------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|-------------------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-----------------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|--------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | p-Wert | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (C/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (D/+O ₂) | NSC D | p-Wert | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC E | Log ₂ (F/+O ₂) | NSC F | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B2515 | <i>pip</i> | 36 | 5,8 | 0 | -0,4 | LA | 6 | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,1 | 0,452 | - | -1,7 | - | -1,7 | 2 | 0,2 | 0,419 | 3 | 0,8 | 2 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|--------------|---------|------|------|-------|--|-------------|-------------------------------------|--------------------------|-----------------|-------------|-------------------------------------|--------------------------|-------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-----------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------------------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|------|---|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | SequnAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | Ident. | SequnAbd, % | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (LA/SN) | p-Wert | NSC A | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | |
| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| PHG088 | <i>hoxF</i> | 67 | 6,6 | 0 | -0,2 | LA | 28 | 4,3 | 1/5 | LA | 5 | 3,0 | 1,9/4,1 | 14 | 25 | 0,8 | 0,151 | 26 | 0,8 | 42 | 1,5 | 46 | 1,7 | 0,013 | 26 | 0,9 | 29 | 1 | 3 | 3 | -0,1 | 0,479 | 18 | 2,7 | 12 | 2,1 | 6 | 1 | 0,117 | 10 | 1,8 | 10 | 1,7 | |
| PHG089 | <i>hoxU</i> | 26 | 7,1 | 0 | -0,2 | LA | 24 | 4,4 | 1,7/5 | LA | 18 | 4,9 | 3,6/5 | 11 | 12 | 0 | 0,484 | 17 | 0,6 | 10 | -0,2 | 14 | 0,3 | 0,341 | 15 | 0,4 | 29 | 1,4 | 2 | 5 | 1,1 | 0,189 | 12 | 2,3 | 8 | 1,7 | 7 | 1,6 | 0,097 | 16 | 2,7 | 12 | 2,3 | |
| PHG090 | <i>hoxY</i> | 23 | 5,2 | 0 | 0,0 | LA | 12 | 4,4 | 2,9/5 | LA | 12 | 4,7 | 3,2/5 | - | 1 | 1,3 | 0,112 | - | - | 3 | 2,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG091 | <i>hoxH</i> | 55 | 6,5 | 0 | -0,2 | LA | 26 | 4,1 | 2,3/5 | LA | 25 | 3,7 | 1,7/5 | 19 | 40 | 1 | 0,031 | 56 | 1,5 | 45 | 1,2 | 45 | 1,2 | 0,026 | 63 | 1,7 | 76 | 2 | 18 | 24 | 0,5 | 0,368 | 57 | 1,7 | 28 | 0,6 | 19 | 0,1 | 0,463 | 53 | 1,6 | 61 | 1,8 | |
| PHG092 | <i>hoxW</i> | 19 | 5,2 | 0 | -0,2 | LA | 44 | 4,1 | 2,5/5 | LA | 20 | - | - | 11 | 4 | -1,6 | 0,189 | 5 | -1 | 7 | -0,6 | 5 | -1,1 | 0,251 | - | -4,5 | - | -4,5 | 1 | - | -0,6 | 0,360 | 6 | 2,1 | 9 | 2,5 | - | -1,6 | 0,112 | 19 | 3,7 | 16 | 3,4 | |
| PHG093 | <i>hoxI</i> | 19 | 6,0 | 0 | -0,1 | LA/SN | 80/18 | 4,8 | 3/5 | LA/SN | 43/16 | 4,0 | 1,2/5 | 42 | 45 | 0,1 | 0,463 | 50 | 0,3 | 93 | 1,2 | 46 | 0,1 | 0,467 | 92 | 1,2 | 127 | 1,6 | 11 | 13 | 0,2 | 0,387 | 18 | 0,7 | 15 | 0,4 | 9 | -0,4 | 0,298 | 24 | 1,1 | 17 | 0,6 | |
| PHG095 | <i>hypB2</i> | 35 | 6,5 | 0 | -0,3 | LA | 23 | 4,3 | 1,1/5 | LA | 16 | 1,5 | -3,3/4,6 | 7 | 9 | 0,3 | 0,293 | 6 | -0,1 | 7 | 0 | 14 | 1 | 0,059 | 7 | 0 | 8 | 0,2 | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | 2 | 1,8 | 0,047 | 11 | 4,4 | 6 | 3,7 | | |
| PHG096 | <i>hypF2</i> | 86 | 7,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA | 7 | 5,0 | 4,2/5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,135 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,135 | - | -1,4 | - | -1,4 | |
| PHG105 | <i>kfrA1</i> | 43 | 5,2 | 0 | -0,7 | - | - | - | - | LA/SN | 14/8 | 2,3 | 0,7/4,1 | 2 | - | -1,9 | 0,135 | - | -1,9 | - | -1,9 | 1 | -0,3 | 0,407 | - | -1,9 | - | -1,9 | 6 | - | -2,5 | 0,076 | - | -3,7 | 4 | -0,6 | 4 | -0,9 | 0,180 | - | -3,7 | - | -3,7 | |
| PHG110 | | 91 | 5,7 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 3 | 0 | 0,493 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | -1,3 | 0,188 | - | -2,5 | - | -2,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG122 | <i>iucA</i> | 69 | 7,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 17 | - | -5,1 | 0,206 | - | -5,1 | - | -5,1 | 3 | -2,3 | 0,249 | - | -5,1 | - | -5,1 | | |
| PHG124 | | 66 | 6,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 16 | - | -2,8 | 0,219 | - | -5,0 | - | -5,0 | - | -3,9 | 0,203 | - | -5,0 | - | -5,0 | | |
| PHG125 | | 44 | 6,4 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | - | -3,0 | 0,143 | - | -3,0 | - | -3,0 | - | -2,5 | 0,180 | - | -3,0 | - | -3,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG126 | | 78 | 9,2 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | LA/SN | 16/32 | -1,0 | -2,4/0 | 4 | - | -2,9 | 0,092 | - | -2,9 | - | -2,9 | 1 | -1,4 | 0,174 | - | -2,9 | - | -2,9 | 95 | 30 | -1,7 | 0,210 | 24 | -2 | 8 | -3,6 | 37 | -1,4 | 0,232 | 11 | -3 | 14 | -2,7 | |
| PHG164 | | 211 | 5,5 | 0 | -0,1 | LA | 1 | - | - | LA | 3 | 1,8 | 0,6/3,3 | 8 | 5 | -0,8 | 0,200 | - | -4,0 | - | -4,0 | - | -4,0 | 0,010 | - | -4,0 | - | -4,0 | 2 | - | -2,2 | 0,163 | 6 | 1,4 | 2 | -0,5 | - | -2,2 | 0,163 | 16 | 2,7 | 17 | 2,8 | |
| PHG166 | | 12 | 8,1 | 0 | -1,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 2,9 | 2 | 1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG167 | <i>uvrD4</i> | 70 | 8,0 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | - | -3,2 | 0,018 | - | -3,2 | - | -3,2 | - | -3,2 | 0,018 | - | -3,2 | - | -3,2 | |
| PHG168 | | 71 | 6,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 1 | -1,9 | 0,016 | 3 | -0,4 | 3 | -0,3 | 1 | -2 | 0,012 | - | -3,1 | 2 | -0,9 | | |
| PHG175 | | 33 | 9,9 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 1 | -0,5 | 0,349 | - | -1,8 | - | -1,8 | 1 | -0,6 | 0,320 | - | -1,8 | - | -1,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG176 | <i>helZ2</i> | 98 | 7,7 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA | 4 | 0,6 | -0,2/1,4 | 1 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | - | -0,6 | - | -0,6 | 0,103 | - | -0,6 | - | -0,6 | 3 | - | -2,4 | 0,064 | - | -2,4 | 2 | -0,6 | - | -2,4 | 0,064 | 3 | 0,3 | 3 | 0,3 | |
| PHG177 | | 16 | 10,9 | 0 | -0,3 | LA | 15 | -1,3 | -2,8/0,1 | - | - | - | - | - | 1 | 0,9 | 0,096 | - | - | - | - | 1 | 1,2 | 0,115 | - | - | 4 | 3,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PHG187 | <i>mvpA</i> | 16 | 6,8 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PHG194 | | 17 | 7,7 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,018 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | -1,4 | 0,018 | - | -1,4 | - | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PHG200 | <i>fhp</i> | 45 | 5,8 | 0 | -0,2 | LA/SN | 14/7 | 1,7 | 0,2/3,4 | - | - | - | - | 3 | 83 | 4,6 | 0,003 | 74 | 4,5 | 122 | 5,2 | 112 | 5,1 | 0,017 | 97 | 4,9 | 4 | 0,3 | - | 16 | 5,0 | 0,169 | 4 | 3,1 | 4 | 3,1 | 6 | 3,6 | 0,007 | 38 | 6,3 | 6 | 3,7 | |
| PHG202 | <i>phaP2</i> | 20 | 6,3 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | LA | 18 | 5,0 | 3,5/5 | - | 4 | 3,1 | 0,003 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 59 | 4,6 | 0,019 | 24 | 3,3 | 53 | 4,5 | 39 | 4 | 0,033 | 34 | 3,8 | 19 | 3 | |
| PHG211 | <i>napA</i> | 93 | 9,1 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 0,169 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PHG222 | | 46 | 7,3 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | 0,068 | - | - | - | - | - | 4 | 3,1 | 0,042 | 3 | 2,7 | 13 | 4,7 | 6 | 3,5 | 0,016 | 4 | 3,0 | 5 | 3,2 | |
| PHG228 | | 16 | 5,3 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 10 | 4,3 | 0,122 | 5 | 3,4 | 19 | 5,3 | - | - | - | 8 | 4,0 | 30 | 5,9 | - | 29 | 4,2 | 0,001 | 22 | 3,8 | 40 | 4,7 | 40 | 4,7 | 0,073 | 29 | 4,2 | 41 | 4,8 | | |
| PHG231 | | 48 | 9,3 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | 0,107 | - | - | - | - | 7 | 3,9 | 0,069 | - | - | - | - | - | 6 | 3,6 | 0,043 | 8 | 3,9 | 13 | 4,7 | 17 | 5,1 | 0,010 | 10 | 4,3 | 10 | 4,4 | |
| PHG233 | | 19 | 5,9 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,1 | 0,092 | 5 | 3,4 | 6 | 3,6 | - | - | - | 4 | 2,9 | 3 | 2,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 0,8 | 0,094 | - | - | - | - | - | - |
| PHG234 | | 11 | 6,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | 0,093 | 15 | 4,9 | 10 | 4,3 | 12 | 4,6 | 0,192 | - | - | 10 | 4,4 | - | 25 | 5,6 | 0,039 | 41 | 6,4 | 35 | 6,1 | 18 | 5,2 | 0,093 | 33 | 6,1 | 51 | 6,7 | | |
| PHG235 | | 16 | 8,1 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | 0,179 | - | - | 11 | 4,5 | - | - | - | - | - | 5 | 3,4 | - | 7 | 3,8 | 0,049 | - | - | 7 | 3,8 | 4 | 3 | 0,159 | 5 | 3,3 | - | - | - | - |
| PHG238 | <i>nrdG</i> | 25 | 7,1 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,1 | 0,023 | - | - | 3 | 2,4 | 1 | 1,5 | 0,050 | - | - | 2 | 2,2 | | |
| PHG240 | <i>nrdD</i> | 76 | 6,9 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 62 | 6,9 | 0,092 | 15 | 4,9 | 8 | 4,0 | 32 | 6,0 | 0,149 | 6 | 3,7 | 5 | 3,4 | - | 223 | 8,8 | 0,001 | 220 | 8,8 | ³¹ ₀ 9,3 | 148 | 8,2 | 0,004 | 165 | 8,4 | 174 | 8,4 | | |
| PHG244 | <i>norB1</i> | 84 | 8,8 | 14 | 0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 2,9 | 0,096 | 4 | 3,1 | - | - | 3 | 2,6 | 0,092 | - | - | 2 | 2,1 | - | 79 | | | | | | | | | | | | | | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHS | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|--------------|--------------|------|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-------------|-------------------|--------------------------|-------------------------------------|------------|-------------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|---------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|-----|------|-----|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | | Membranfraktion | | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | SequAbd, % | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | |
| PHG247 | <i>nosL</i> | 19 | 8,2 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 5 | 3,2 | 6 | 3,7 | - | 17 | 3,9 | 0,066 | 31 | 4,8 | 28 | 4,6 | 19 | 4 | 0,157 | 26 | 4,5 | 42 | 5,2 | | | | | | | |
| PHG248 | <i>nosY</i> | 29 | 9,4 | 6 | 1,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 3,7 | 11 | 4,5 | 6 | 3,5 | 0,072 | 9 | 4,2 | - | - | | | | | | | | |
| PHG249 | <i>nosF</i> | 34 | 8,8 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,2 | 0,115 | - | - | - | - | - | - | 14 | 4,8 | 0,022 | 20 | 5,4 | 23 | 5,5 | 16 | 5,0 | 0,013 | 27 | 5,8 | 24 | 5,6 | | | | | | |
| PHG250 | <i>nosD</i> | 48 | 8,8 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 20 | 5,3 | 0,002 | 20 | 5,4 | 28 | 5,8 | 22 | 5,5 | 0,017 | 19 | 5,2 | 19 | 5,2 | | | | | | | |
| PHG251 | <i>nosR</i> | 96 | 9,4 | 8 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,2 | 0,115 | - | - | - | - | - | 41 | 6,4 | 0,016 | 26 | 5,7 | 45 | 6,5 | 38 | 6,2 | 0,016 | 69 | 7,1 | 42 | 6,4 | | | | | | | |
| PHG252 | <i>nosZ</i> | 70 | 7,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 53 | 6,7 | 0,045 | 56 | 6,8 | 31 | 5,9 | 38 | 6,3 | 0,017 | 64 | 7,0 | 50 | 6,7 | - | 252 | 5,8 | 0,001 | 237 | 5,7 | 37 7 | 6,4 | 357 | 6,3 | 0,016 | 298 | 6 | 271 | 5,9 |
| PHG253 | <i>nosC</i> | 13 | 8,6 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 8 | 4 | 0,141 | 16 | 5,0 | 21 | 5,4 | - | - | - | 17 | 5,1 | 46 | 6,5 | 5 | 38 | 2,8 | 0,001 | 97 | 4,1 | 36 | 2,7 | 61 | 3,5 | 0,104 | 29 | 2,4 | 66 | 3,6 |
| PHG255 | | 16 | 8,0 | 0 | 0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | 0,179 | 7 | 3,9 | 12 | 4,6 | - | - | - | 4 | 2,9 | 9 | 4,2 | - | 14 | 4,8 | 0,067 | 10 | 4,3 | 18 | 5,2 | 9 | 4,1 | 0,102 | 16 | 5,0 | 8 | 4,0 |
| PHG256 | <i>dnrD</i> | 34 | 6,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 13 | 4,7 | 0,054 | 3 | 2,7 | 10 | 4,3 | 14 | 4,8 | 0,018 | - | 3 | 2,7 | - | 17 | 5,1 | 0,037 | 16 | 5,0 | 28 | 5,8 | 13 | 4,7 | 0,106 | 32 | 6,0 | 28 | 5,8 | |
| PHG257 | | 37 | 6,8 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 20 | 5,3 | 0,009 | 12 | 4,6 | 33 | 6,0 | 27 | 5,8 | 0,005 | 15 | 4,9 | 17 | 5,1 | - | 31 | 6,0 | 0,032 | 33 | 6,1 | 40 | 6,3 | 28 | 5,8 | 0,037 | 49 | 6,6 | 42 | 6,4 |
| PHG258 | | 42 | 9,4 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | 0,095 | 5 | 3,5 | - | - | - | - | 16 | 5,0 | 0,018 | 14 | 4,8 | 24 | 5,6 | 17 | 5,1 | 0,009 | 16 | 5,0 | 13 | 4,7 | | |
| PHG261 | | 28 | 7,5 | 0 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,5 | 0,096 | - | - | - | - | 2 | 2,1 | 0,120 | - | - | - | - | 14 | 4,8 | 0,010 | 12 | 4,6 | 18 | 5,2 | 16 | 5,0 | 0,025 | 11 | 4,4 | 17 | 5,1 |
| PHG262 | <i>dnrD</i> | 25 | 9,3 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2,1 | 0,104 | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 0,095 | - | - | - | - | 13 | 4,7 | 0,027 | 11 | 4,4 | 11 | 4,5 | 10 | 4,3 | 0,008 | - | - | - | - | |
| PHG263 | | 46 | 11,7 | 12 | 0,9 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 3,7 | 0,019 | - | - | 10 | 4,4 | 12 | 4,6 | 0,002 | 8 | 4,0 | 3 | 2,7 | |
| PHG264 | <i>narX1</i> | 15 | 4,6 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | 28 | 5,8 | 0,124 | 35 | 6,1 | 36 | 6,2 | 42 | 6,4 | 0,209 | 10 | 4,3 | 39 | 6,3 | - | - | - | 3 | 2,8 | 2 | 1,9 | 0,101 | 10 | 4,3 | 6 | 3,7 | | | |
| PHG265 | | 72 | 6,8 | 2 | -0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 22 | 5,5 | 0,005 | 33 | 6,1 | 28 | 5,8 | 47 | 6,6 | 0,005 | 25 | 5,7 | 31 | 6,0 | | |
| PHG266 | | <i>narL1</i> | 24 | 5,5 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | 0,139 | - | - | - | - | - | | | |
| PHG267 | | 43 | 11,3 | 12 | 0,8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | 4,1 | 5 | 3,5 | 0,115 | - | - | 9 | 4,1 | | | |
| PHG268 | <i>narK1</i> | 47 | 9,8 | 12 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 6 | 3,6 | 3 | 2,7 | 0,035 | - | - | - | - | - | | | |
| PHG269 | <i>narK2</i> | 49 | 9,6 | 12 | 0,6 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,2 | 0,007 | - | - | 9 | 4,1 | 0,003 | - | - | - | - | |
| PHG270 | <i>narG1</i> | 140 | 7,2 | 0 | -0,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | 51 | 6,7 | 0,074 | 75 | 7,2 | 52 | 6,7 | 47 | 6,6 | 0,014 | 151 | 8,2 | 72 | 7,2 | - | 182 | 8,5 | 0,025 | 213 | 8,7 | 26 9 | 9,1 | 212 | 8,7 | 0,001 | 202 | 8,7 | 248 | 9,0 |
| PHG271 | <i>narH1</i> | 58 | 6,5 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | 20 | 5,4 | 0,016 | 37 | 6,2 | 10 | 4,3 | 24 | 5,6 | 0,015 | 55 | 6,8 | 39 | 6,3 | - | 87 | 7,4 | 0,015 | 156 | 8,3 | 14 0 | 8,1 | 114 | 7,8 | 0,017 | 84 | 7,4 | 123 | 7,9 |
| PHG272 | <i>narJ1</i> | 25 | 4,6 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4 | 3,0 | 0,052 | 10 | 4,3 | 39 | 6,3 | 14 | 4,8 | 0,063 | - | - | - | - | 2 | 2,1 | 0,101 | - | - | 3 | 2,4 | - | - | - | 2 | 2,3 | 3 | 2,7 | |
| PHG274 | | 27 | 5,4 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,4 | 0,008 | 10 | 4,3 | 16 | 5,0 | 12 | 4,5 | 0,002 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG275 | <i>mobB</i> | 21 | 8,1 | 0 | -0,2 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,3 | 0,119 | - | - | 5 | 3,4 | 4 | 3,0 | 0,067 | - | - | - | - | |
| PHG287 | <i>ssb</i> | 16 | 10,6 | 0 | -0,3 | LA/SN 40/32 | 0,6 | -0,4/1,8 | LA/SN 31/20 | 1,1 | -0,1/2 | 6 | 6 | 0 | 0,500 | 10 | 0,6 | 11 | 0,8 | - | -0,6 | 0,329 | 6 | 0 | 9 | 0,6 | 3 | 6 | 1,1 | 0,214 | - | -2,4 | 3 | -0,1 | 5 | 1 | 0,247 | - | -2,4 | - | -2,4 | |
| PHG296 | | 23 | 9,5 | 1 | -0,2 | - | - | - | - | LA | 14 | 1,9 | 0,5/3,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG297 | | 14 | 6,0 | 0 | 0,3 | SN | 18 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG330 | | 36 | 6,1 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA | 5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1,1 | 0,106 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG335 | <i>ssb</i> | 20 | 8,9 | 0 | -0,9 | LA/SN 15/15 | 0,0 | -1,3/1,5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG342 | | 37 | 8,5 | 0 | -0,1 | - | - | - | - | LA/SN 11/11 | -0,4 | -1,7/1 | 6 | - | -3,7 | 0,132 | - | -3,7 | - | -3,7 | - | -3,7 | 0,132 | - | -3,7 | - | -3,7 | 14 | 11 | -0,4 | 0,396 | 18 | 0,3 | 9 | -0,6 | 9 | -0,7 | 0,352 | 19 | 0,4 | 15 | 0,1 |
| PHG346 | <i>pilS1</i> | 17 | 8,0 | 1 | 0,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | 1 | -0,1 | 0,456 | - | -1,5 | - | -1,5 | 0,127 | - | -1,5 | - | -1,5 | | | |
| PHG347 | <i>pilR</i> | 38 | 9,2 | 3 | 0,1 | - | - | - | - | LA/SN | 8/8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG351 | <i>pilN</i> | 57 | 9,0 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | LA/SN 10/5 | 1,7 | 0,6/3,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG358 | | 24 | 8,6 | 0 | -0,3 | - | - | - | - | LA | 12 | 1,4 | 0,1/3,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |

| LocusTag | Genname | MW, kDa | pI | TMHs | GRAVY | H ₂ /CO ₂ vs. Succinat | | | | | | Anaerob vs. aerob | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|----------|--------------|---------|-----|------|-------|--|--------------------------|-------------------------------------|-----------------|--------------------------|-------------------------------------|---------------------------------------|----------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|-----------------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|----------------------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|--------|---------------------------------------|--------|-------|---------------------------------------|-------|---------------------------------------|------|------|------|------|
| | | | | | | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | | Lösliche Fraktion | | | | | | | | | Membranfraktion | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | |
| | | | | | | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Ident. | Log ₂ (LA/SN) | Cl _{low} /Cl _{up} | Log ₂ (A/+O ₂) | NSC A | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | ØNSC +O ₂ | Log ₂ (A/+O ₂) | p-Wert | NSC B | Log ₂ (B/+O ₂) | NSC C | Log ₂ (C/+O ₂) | ØNSC D | Log ₂ (D/+O ₂) | p-Wert | NSC E | Log ₂ (E/+O ₂) | NSC F | Log ₂ (F/+O ₂) | | | | |
| PHG362 | <i>trbE</i> | 92 | 6,8 | 0 | -0,3 | - | - | - | LA | 3 | 0,9 | -0,2/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG363 | <i>trbJ</i> | 28 | 8,2 | 0 | -0,4 | LA | 8 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | | |
| PHG370 | | 33 | 5,5 | 0 | -0,5 | LA/SN | 27/12 | 0,9 | -1,3/2,6 | LA | 12 | 1,3 | 0,2/2,4 | 2 | - | -2,3 | 0,047 | - | -2,3 | - | -1,7 | 0,104 | - | -2,3 | - | -2,3 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG373 | <i>repB</i> | 52 | 9,2 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | - | 0 | 0,499 | 3 | 0,7 | - | -2,0 | - | -2,0 | 0,058 | 3 | 0,7 | 5 | 1,3 | | | |
| PHG374 | <i>parA1</i> | 44 | 6,2 | 0 | -0,1 | - | - | - | LA/SN | 9/9 | 0,1 | -1,2/2,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 9 | 2 | -2,3 | 0,074 | 8 | -0,2 | 4 | -1 | 3 | -1,8 | 0,087 | 6 | -0,6 | 8 | -0,2 | | | |
| PHG375 | <i>parB</i> | 37 | 8,2 | 0 | -0,4 | LA/SN | 13/12 | 0,4 | -0,9/1,9 | LA | 12 | 0,4 | -0,8/1,5 | 8 | 4 | -1,2 | 0,014 | - | -4,1 | - | -4,1 | 5 | -0,7 | 0,089 | - | -4,1 | - | - | - | - | 4 | 3,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG405 | <i>catB1</i> | 40 | 6,2 | 0 | 0,1 | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | -1,4 | 0,094 | - | -1,4 | - | -1,4 | 2 | 0,6 | 0,361 | - | -1,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG416 | <i>cbbA1</i> | 37 | 5,9 | 0 | -0,2 | LA | 35 | 4,3 | 2/5 | LA | 13 | - | - | 17 | 4 | -2,1 | 0,002 | 37 | 1,1 | 3 | -2,5 | 5 | -1,7 | 0,001 | 42 | 1,3 | 25 | 0,6 | - | - | - | 4 | 3,1 | - | - | - | - | - | - | 3 | 2,7 | | |
| PHG417 | <i>cbbK1</i> | 42 | 6,4 | 0 | 0,2 | LA | 35 | 1,7 | -3,1/5 | LA | 41 | 4,8 | 3,1/5 | 35 | - | -6,1 | 0,000 | - | -6,1 | - | -6,1 | 5 | -6,1 | 0,000 | - | -6,1 | - | -6,1 | 57 | 7 | -3 | 0,052 | - | -6,8 | - | -6,8 | 2 | -4,7 | 0,045 | 20 | -1,5 | 20 | -1,5 |
| PHG418 | <i>cbbG1</i> | 36 | 6,9 | 0 | 0,0 | - | - | - | - | - | - | - | 36 | 7 | -2,3 | 0,002 | 34 | -0,1 | 5 | -2,8 | 5 | -2,8 | 0,005 | 36 | 0 | 35 | 0 | 2 | - | -1,9 | 0,156 | - | -1,9 | - | -1,9 | 0,156 | - | -1,9 | - | -1,9 | - | -1,9 | |
| PHG419 | <i>cbbZ1</i> | 24 | 5,4 | 0 | 0,5 | LA | 10 | - | LA | 17 | 3,9 | 1,3/5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG420 | <i>cbbT1</i> | 71 | 5,8 | 0 | 0,0 | LA | 17 | 2,3 | -2,1/5 | LA/SN | 4/6 | - | - | 12 | - | -4,5 | 0,001 | 12 | 0 | - | -4,5 | 3 | -2,2 | 0,002 | 7 | -0,7 | 5 | -1,1 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |
| PHG421 | <i>cbbP1</i> | 33 | 6,8 | 0 | -0,3 | LA | 37 | 4,1 | 1,9/5 | - | - | - | 13 | - | -4,7 | 0,069 | - | -4,7 | - | -4,7 | - | -4,7 | 0,069 | - | -4,7 | - | -4,7 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG422 | <i>cbbF1</i> | 40 | 5,9 | 0 | -0,2 | LA | 32 | 4,1 | 0/5 | LA | 26 | 2,8 | 2,1/3,5 | 16 | 1 | -3,7 | 0,010 | 23 | 0,5 | - | -5,0 | 3 | -2,6 | 0,007 | 16 | -0,1 | 7 | -1,1 | 4 | 2 | -0,9 | 0,233 | 2 | -0,9 | - | -3,0 | - | -3,1 | 0,094 | 3 | -0,3 | 17 | 2,1 |
| PHG423 | <i>cbbE1</i> | 26 | 6,2 | 0 | 0,2 | LA | 30 | 4,6 | 2,5/5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | |
| PHG425 | <i>cbbX1</i> | 35 | 7,3 | 0 | -0,2 | LA | 24 | 3,0 | 1,8/4,2 | LA | 24 | - | - | 5 | - | -3,3 | 0,003 | 6 | 0,3 | - | -3,3 | 1 | -2,3 | 0,004 | - | -3,3 | 5 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 7 | 3,7 | - | - | - | - |
| PHG426 | <i>cbbS1</i> | 16 | 5,1 | 0 | -0,4 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 2 | 2 | 0,6 | 0,266 | 4 | 1,4 | - | -1,7 | - | -1,7 | 0,120 | 7 | 2 | 2 | 0,5 | | | |
| PHG427 | <i>cbbL1</i> | 54 | 6,8 | 0 | -0,2 | LA | 43 | 2,9 | -1,4/5 | LA | 13 | 4,0 | 3,1/4,9 | 77 | 24 | -1,7 | 0,009 | 112 | 0,5 | 10 | -2,9 | 16 | -2,3 | 0,005 | 122 | 0,7 | 186 | 1,3 | 6 | 9 | 0,6 | 0,324 | 19 | 1,7 | 3 | -0,8 | 7 | 0,1 | 0,454 | 29 | 2,3 | 17 | 1,4 |

Tabelle 9 Expressionswerte aller im Genom von *R. eutropha* codierten tRNA-Synthetasen. Die Proteinmengenverhältnisse (R) für den Vergleich H₂/CO₂ vs. Succinat werden als Logarithmus zur Basis zwei angegeben. "-", keine quantitativen Daten vorhanden.

| LocusTag | Protein | Log ₂ R | Produkt |
|-----------|---------|--------------------|---|
| H16_A2769 | AlaS | -0,18 | Alanyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0159 | ArgS | -0,12 | Arginyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0453 | AspS | -0,53 | Aspartyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A1221 | CysS | -0,53 | Cysteinyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A2784 | GlnS | -0,72 | Glutaminyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A2403 | GltX1 | 0,08 | Glutamyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A2716 | GltX2 | - | Glutamyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0521 | GlyS | -1,37** | Glycyl-tRNA-Synthetase (β-Untereinheit) |
| H16_A0523 | GlyQ | -0,1 | Glycyl-tRNA-Synthetase (α-Untereinheit) |
| H16_A2363 | HisS | -0,42 | Histidyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A2355 | HisZ | -0,17 | Histidyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A3046 | IleS | -0,08 | Isoleucyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A3139 | LeuS | 1,23 | Leucyl-tRNA-Synthetase (fusioniert mit ISAE1 Orf2 Fusionsprotein) |
| H16_A1167 | LysU | -0,42 | Lysyl-tRNA-Synthetase (Klasse II) |
| H16_A2945 | MetG | -0,13 | Methionyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A1343 | PheS | -0,2 | Phenylalanyl-tRNA-Synthetase (α-Kette) |
| H16_A1344 | PheT | 0,02 | Phenylalanyl-tRNA-Synthetase (β-Kette) |
| H16_A3246 | ProS | -0,12 | Prolyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0764 | SerS1 | 0,3 | Seryl-tRNA-Synthetase |
| H16_B0015 | SerS2 | - | Seryl-tRNA-Synthetase |
| H16_A1339 | ThrS | -0,6 | Threonyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0515 | TrpS | -0,1 | Tryptophanyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A0490 | TyrS | -0,02 | Tyrosyl-tRNA-Synthetase |
| H16_A2751 | ValS | 1,03*** | Valyl-tRNA-Synthetase |

Der Median für die Glycyl-tRNA-Synthase betrug 0,4 (4/0,4/-0,1). *Der Median der Valyl-tRNA-Synthase lag bei -0,25 (-0,4/-0,25/5).

Tabelle 10 Anzahl der im Genom codierten und der mittels Proteomanalyse identifizierten Proteine. Jedem Replikon sind die Anzahl der auf ihm vorliegenden Gene sowie die Anzahl der identifizierten Proteine, die auf ihm codiert werden, zugeordnet. In Klammern ist das prozentuale Verhältnis zur jeweiligen Gesamtzahl der codierten Gene bzw. der identifizierten Proteine angegeben. Die Auflistung erfolgte für die lösliche sowie die Membranfraktion. Für die Zuordnung wurde unterschieden, ob die Proteine ausschließlich unter Succinat, ausschließlich unter H₂/CO₂ oder unter beiden Wachstumsbedingungen detektiert wurden.

| | Chromosom 1 | Chromosom 2 | pHG1 | Gesamt (100 %) |
|---------------------------------|--------------------|--------------------|-------------|-----------------------|
| Genom | 3.651 (55 %) | 2.555 (39 %) | 420 (6 %) | 6.626 |
| Lösliche Fraktion | | | | |
| Succinat | 48 (81 %) | 10 (17 %) | 1 (2 %) | 59 |
| H ₂ /CO ₂ | 183 (63 %) | 81 (28 %) | 54 (9 %) | 291 |
| beide Bedingungen | 603 (90 %) | 57 (9 %) | 7 (1 %) | 667 |
| Membranfraktion | | | | |
| Succinat | 46 (88 %) | 5 (10 %) | 1 (2 %) | 52 |
| H ₂ /CO ₂ | 109 (58 %) | 45 (24 %) | 35 (19 %) | 189 |
| beide Bedingungen | 420 (87 %) | 53 (11 %) | 11 (2 %) | 484 |

Tabelle 11 Vergleich H₂/CO₂ vs. Succinat: Regulationsprofil der Formiat-Dehydrogenasen. Angegeben sind die molekulare Masse (MW) in kDa, der isoelektrische Punkt (pI) sowie der Identifizierungsstatus und Quantifizierungswert für die lösliche und Membranfraktion. Ein Häkchen (✓) gibt die Bedingung an, unter der eine Identifizierung erfolgte. Als Quantifizierungswert wurde ein Log₂R ausgegeben. Proteine mit einem Log₂R-Wert ≤ -1 oder ≥ 1 gelten als signifikant runter- bzw. hochreguliert in der H₂/CO₂- im Vergleich zur Succinatanzucht. "-", nicht detektiert/nicht bestimmt.

| LocusTag | Protein | Beschreibung | MW, kDa | pI | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | |
|--|-----------|-----------------------------------|------------|------|---------------------------------|----|--------------------|---------------------------------|----|--------------------|
| | | | | | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R |
| Lösliche Formiat-Dehydrogenase | | | | | | | | | | |
| H16_A0639 | FdsR | Transkriptionsregulator | 39,6 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0640 | FdsG | γ-Untereinheit | 18,7 | 6,1 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0641 | FdsB | β-Untereinheit | 55,2 | 5,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0642 | FdsA | α-Untereinheit | 104,7 | 6,2 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0643 | FdsC | aktivitätsrelevantes Protein | 30,7 | 6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0644 | FdsD | δ-Untereinheit | 8,3 | 6,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1700 | FdwA | α-Untereinheit | 102,1 | 5,4 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1701 | FdwB | β-Untereinheit | 61,8 | 6,4 | - | - | - | - | - | - |
| Membranegebundene Formiat-Dehydrogenase | | | | | | | | | | |
| H16_A2932 | FdhD1 | aktivitätsrelevantes Protein | 30,7 | 6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2934 | FdhC | Cytochrom- <i>b</i> -Untereinheit | 44,1 | 9,8 | - | - | - | ✓ | - | 2,3 |
| H16_A2936 | FdhB1 | Eisen-Schwefel-Untereinheit | 23,5 | 7 | - | - | - | ✓ | ✓ | 3,4 |
| H16_A2937 | FdhA1 | α-Untereinheit (Fe4S4-Cluster) | 112 | 8,5 | - | - | - | ✓ | ✓ | 1,7 |
| H16_B1452 | FdoG | α-Untereinheit | 114,3 | 8,6 | - | - | - | ✓ | - | 2,2 |
| H16_B1453 | FdoH | β-Untereinheit | 31,6 | 5,3 | - | - | - | ✓ | - | 2,5 |
| H16_B1454 | FdoI | γ-Untereinheit | 25 | 10,1 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1455 | FdoE | aktivitätsrelevantes Protein | 30,2 | 5,3 | - | - | - | - | - | - |
| Potentielle Formiat-Dehydrogenase bzw. putative Formiat-Dehydrogenase-Untereinheiten | | | | | | | | | | |
| H16_A3292 | H16_A3292 | Molybdopterin-Oxidoreduktase | 75,9 | 6,6 | ✓ | ✓ | 1,4 | - | - | - |
| H16_B1383 | CbbB | α-Untereinheit | 83,2 | 5,8 | ✓ | - | 2,7 | ✓ | - | 2,4 |
| H16_B1470 | FdhD2 | aktivitätsrelevantes Protein | 30,4 | 6,1 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1471 | FdhA2 | α-Untereinheit | 85,5 | 6,7 | - | - | - | - | - | - |

Tabelle 12 Vergleich H₂/CO₂ vs. Succinat: Regulationsprofil der im PHB-Metabolismus involvierten Proteine. Angegeben sind die molekulare Masse (MW) in kDa, der isoelektrische Punkt (pI) sowie der Identifizierungsstatus und Quantifizierungswert für die lösliche und Membranfraktion. Ein Häkchen (✓) gibt die Bedingung an, unter der eine Identifizierung erfolgte. Als Quantifizierungswert wurde ein Log₂R ausgegeben. Proteine mit einem Log₂R-Wert ≤ -1 oder ≥ 1 gelten als signifikant runter- bzw. hochreguliert in der H₂/CO₂- im Vergleich zur Succinatanzucht. "-", nicht detektiert/nicht bestimmt.

| LocusTag | Protein | Beschreibung | MW, kDa | pI | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | |
|--------------------------|-----------|--|------------|-----|---------------------------------|----|--------------------|---------------------------------|----|--------------------|
| | | | | | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R |
| PHA-Synthase | | | | | | | | | | |
| H16_A1437 | PhaC1 | PHB-Polymerase | 64,3 | 6,5 | ✓ | - | 3,0 | ✓ | ✓ | 2,3 |
| H16_A2003 | PhaC2 | PHB-Polymerase | 65,4 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| β-Ketoacyl-CoA-Thiolase | | | | | | | | | | |
| H16_A1438 | PhaA | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,5 | 7,9 | ✓ | ✓ | 1,2 | ✓ | - | 0,3 |
| H16_A1445 | BktB | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,9 | 6,9 | ✓ | - | 1,1 | ✓ | ✓ | 1,2 |
| H16_A0170 | H16_A0170 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41,0 | 6,9 | ✓ | - | 1,5 | - | - | - |
| H16_A0462 | H16_A0462 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41,8 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1528 | H16_A1528 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41,1 | 7,1 | ✓ | - | - | - | - | - |
| H16_A1713 | H16_A1713 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,8 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1720 | H16_A1720 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41,5 | 6,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1887 | H16_A1887 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41,5 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0200 | PcaF | β-Ketoadipyl-CoA-Thiolase | 41,9 | 6,7 | ✓ | - | - | - | - | - |
| H16_B0381 | H16_B0381 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,7 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0662 | H16_B0662 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,4 | 6,9 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0668 | H16_B0668 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 42,0 | 7,2 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0759 | H16_B0759 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,5 | 6,9 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1369 | H16_B1369 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 43,1 | 6,4 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1771 | H16_B1771 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40,8 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| β-Ketoacyl-CoA-Reduktase | | | | | | | | | | |
| H16_A1439 | PhaB1 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 26,4 | 7,2 | ✓ | ✓ | 1,9 | ✓ | ✓ | 0,9 |
| H16_A2002 | PhaB2 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 26,6 | 7,2 | - | ✓ | 1,3 | ✓ | ✓ | -0,1 |
| H16_A2171 | PhaB3 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 25,0 | 6,9 | - | - | - | ✓ | ✓ | 0,1 |
| H16_A0743 | H16_A0743 | Dehydrogenase | 26,8 | 7,4 | ✓ | - | 0,9 | - | - | - |
| H16_A0931 | H16_A0931 | Dehydrogenase | 27,1 | 8,7 | ✓ | ✓ | 0,4 | ✓ | ✓ | -0,3 |
| H16_A1267 | H16_A1267 | Dehydrogenase | 27,4 | 8,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1287 | H16_A1287 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 29,1 | 7,4 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1325 | H16_A1325 | Dehydrogenase | 27,6 | 6,9 | ✓ | ✓ | 1,4 | ✓ | - | - |
| H16_A1334 | H16_A1334 | PHB-Dehydrogenase | 27,0 | 6,7 | ✓ | ✓ | 1,7 | - | - | - |
| H16_A1531 | H16_A1531 | Dehydrogenase | 27,3 | 6,5 | ✓ | - | 2,1 | - | - | - |
| H16_A1814 | H16_A1814 | PHB-Dehydrogenase | 27,6 | 6,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2152 | H16_A2152 | Short-chain-Dehydrogenase | 32,2 | 7,1 | - | - | - | ✓ | - | - |
| H16_A2460 | AbmB | putative β-Hydroxyacyl-CoA-Dehydrogenase | 26,9 | 7,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2473 | H16_A2473 | Dehydrogenase | 25,0 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2567 | FabG | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 25,8 | 8,0 | ✓ | ✓ | -0,3 | ✓ | ✓ | -0,8 |
| H16_A3164 | H16_A3164 | putative Dehydrogenase | 25,7 | 6,2 | ✓ | ✓ | -0,1 | ✓ | ✓ | -0,4 |
| H16_A3487 | H16_A3487 | putative Dehydrogenase | 27,4 | 6,2 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0062 | H16_B0062 | Dehydrogenase | 27,0 | 6,4 | - | - | - | ✓ | ✓ | - |
| H16_B0101 | H16_B0101 | Dehydrogenase | 25,1 | 5,7 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0201 | H16_B0201 | Dehydrogenase | 25,2 | 7,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0361 | H16_B0361 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26,2 | 7,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0385 | H16_B0385 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 27,1 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0394 | H16_B0394 | Dehydrogenase | 34,2 | 6,7 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0601 | H16_B0601 | Cyclohexanol-Dehydrogenase | 27,1 | 6,1 | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Protein | Beschreibung | MW, kDa | pI | Lösliche Fraktion | | | Membranfraktion | | |
|---|-----------|--|------------|------|---------------------------------|----|--------------------|---------------------------------|----|--------------------|
| | | | | | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R | H ₂ /CO ₂ | SN | Log ₂ R |
| H16_B0651 | H16_B0651 | Dehydrogenase | 29,3 | 6,0 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0663 | H16_B0663 | Short-chain-Alkohol-Dehydrogenase | 30,4 | 6,0 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0666 | H16_B0666 | Short-chain-Dehydrogenase | 28,4 | 7,1 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0687 | H16_B0687 | Short-chain-Dehydrogenase | 32,1 | 6,9 | ✓ | - | - | - | - | - |
| H16_B0713 | H16_B0713 | Short-chain-Alkohol-Dehydrogenase | 26,8 | 7,8 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1075 | H16_B1075 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26,6 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1240 | H16_B1240 | Dehydrogenase | 27,0 | 7,9 | ✓ | - | 3 | - | - | - |
| H16_B1297 | H16_B1297 | Dehydrogenase | 25,9 | 5,4 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1334 | H16_B1334 | Dehydrogenase | 27,5 | 7,4 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1442 | H16_B1442 | Dehydrogenase | 28,1 | 7,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1696 | H16_B1696 | Dehydrogenase | 26,3 | 7,0 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1834 | H16_B1834 | Alkohol-Dehydrogenase | 26,1 | 6,8 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1904 | H16_B1904 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26,5 | 7,1 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2339 | H16_B2339 | Dehydrogenase | 30,0 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2510 | H16_B2510 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 25,9 | 8,0 | - | - | - | - | - | - |
| Phasine | | | | | | | | | | |
| H16_A1381 | PhaP1 | Phasin (PHA-Granula-assoziert) | 20,0 | 6,2 | ✓ | ✓ | 0,3 | ✓ | ✓ | 0,6 |
| PHG202 | PhaP2 | Phasin | 20,2 | 6,3 | - | - | - | ✓ | - | 5,0 |
| H16_A2172 | PhaP3 | Phasin (PHA-Granula-assoziert) | 19,6 | 6,6 | ✓ | - | - | ✓ | ✓ | 3,0 |
| H16_B2021 | PhaP4 | Phasin (PHA-Granula-assoziert) | 20,2 | 6,2 | - | - | - | ✓ | - | 3,6 |
| H16_B1934 | PhaP5 | Phasin | 15,6 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A0141 | PhaM | PHB-Granula-assoziertes Protein | 26,6 | 5,8 | ✓ | - | - | ✓ | - | 2,6 |
| Transkriptionaler Regulator | | | | | | | | | | |
| H16_A1440 | PhaR | transkriptionaler Regulator der Phasin-Genexpression | 21,0 | 6,2 | ✓ | - | - | ✓ | ✓ | 1,8 |
| PHB-Depolymerase | | | | | | | | | | |
| H16_A1150 | PhaZ1 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 47,3 | 6,8 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A2862 | PhaZ2 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 44,8 | 7,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B1014 | PhaZ5 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 45,2 | 6,3 | - | - | - | - | - | - |
| PHG178 | PhaZ | putative PHB-Depolymerase | 27,4 | 6,5 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B0339 | PhaZ3 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 45,2 | 6,9 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2073 | PhaZ6 | PHB-Depolymerase | 39,2 | 9,3 | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2401 | PhaZ7 | PHB-Depolymerase | 38,4 | 11,4 | - | - | - | - | - | - |
| 3-Hydroxybuttersäure-Oligomerhydrolase | | | | | | | | | | |
| H16_A2251 | PhaY1 | D-(-)-3-Hydroxybutyrat-Oligomerhydrolase | 74,3 | 6,9 | - | - | - | - | - | - |
| H16_A1335 | PhaY2 | D-(-)-3-Hydroxybutyrat-Oligomerhydrolase | 31,6 | 6,6 | - | - | - | - | - | - |

| LocusTag | Protein | MW, kDa | pI | TMH | Lösliche Fraktion | | | | | | Membranfraktion | | | | | |
|--|---------|---------|------|-----|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|
| | | | | | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (B/+O ₂) | Log ₂ (C/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) | Log ₂ (E/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (B/+O ₂) | Log ₂ (C/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) | Log ₂ (E/+O ₂) | Log ₂ (F/+O ₂) |
| Terminale Oxidoreduktasen der Denitrifikation | | | | | | | | | | | | | | | | |
| PHG270 | NarG1 | 140 | 7,2 | 0 | 6,7 | 7,2 | 6,7 | 6,6 | 8,2 | 7,2 | 8,5 | 8,7 | 9,1 | 8,7 | 8,7 | 9,0 |
| PHG271 | NarH1 | 58 | 6,5 | 0 | 5,4 | 6,2 | 4,3 | 5,6 | 6,8 | 6,3 | 7,4 | 8,3 | 8,1 | 7,8 | 7,4 | 7,9 |
| PHG272 | NarJ1 | 25 | 4,6 | 0 | 3,0 | 4,3 | 6,3 | 4,8 | - | - | 2,1 | - | 2,4 | - | 2,3 | 2,7 |
| PHG273 | NarI1 | 25 | 10,1 | 5 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2265 | NarG2 | 139 | 7,2 | 0 | 6,3 | 6,8 | 6,3 | 6,2 | 7,9 | 7,0 | 8,1 | 8,2 | 8,7 | 8,3 | 8,3 | 8,6 |
| H16_B2266 | NarH2 | 58 | 6,4 | 0 | - | - | - | - | - | - | 7,3 | - | 8,0 | 7,7 | - | 7,8 |
| H16_B2267 | NarJ2 | 26 | 4,6 | 0 | - | - | 5,3 | 3,8 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2268 | NarI2 | 25 | 10,2 | 5 | - | - | - | - | - | - | 4,5 | 4,3 | 5,0 | 4,8 | 4,4 | 4,0 |
| H16_B2277 | NirS | 61 | 8,7 | 0 | 9,0 | 8,8 | 8,9 | 9,3 | 9,2 | 9,3 | 4,3 | 3 | 4,9 | 4,5 | 2,4 | 3 |
| PHG244 | NorB1 | 84 | 8,8 | 14 | 2,9 | 3,1 | - | 2,6 | - | 2,1 | 7,3 | 7,4 | 8,0 | 7,5 | 8,0 | 7,4 |
| H16_B2323 | NorB2 | 84 | 9,0 | 14 | 3,2 | 3,4 | - | 3,2 | - | - | 6,3 | 6,5 | 7,2 | 6,6 | 7,1 | 6,5 |
| PHG252 | NosZ | 70 | 7,4 | 0 | 6,7 | 6,8 | 5,9 | 6,3 | 7,0 | 6,7 | 5,8 | 5,7 | 6,4 | 6,3 | 6 | 5,9 |
| Akzessorische Proteine, Redoxpartner | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B2278 | NirC | 12 | 9,2 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| PHG253 | NosC | 13 | 8,6 | 0 | 4 | 5,0 | 5,4 | - | 5,1 | 6,5 | 2,8 | 4,1 | 2,7 | 3,5 | 2,4 | 3,6 |
| Biosynthese von denitrifikationsspezifischen Cofaktoren | | | | | | | | | | | | | | | | |
| H16_B2279 | NirF | 44 | 9,6 | 1 | - | - | - | - | 3 | - | 6,2 | 6,1 | 6,5 | 6,4 | 6,0 | 5,8 |
| H16_B2280 | NirD | 36 | 10,0 | 0 | - | - | - | - | - | - | 1,6 | - | 4,2 | 2,7 | - | - |
| H16_B2281 | NirG | 17 | 7,6 | 0 | 1,8 | - | 3,0 | - | - | 3,4 | 2,6 | - | 2,8 | - | 4,0 | 3,0 |
| H16_B2282 | NirH | 18 | 9,9 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| H16_B2283 | NirJ | 42 | 8,0 | 0 | - | - | - | - | - | - | 3,5 | 3,9 | 4,7 | 4,1 | 4,4 | 4,0 |
| H16_B2284 | NirN | 54 | 8,5 | 0 | 5,6 | 5,7 | 5,2 | 5,9 | 5,7 | 6,4 | - | - | 3,6 | 3,8 | - | 1,7 |
| H16_B2285 | NirE | 26 | 8,4 | 0 | 3,7 | - | 3,6 | 2,3 | 2,5 | 2,7 | 1,5 | 2,1 | 3,1 | 2,5 | 2,7 | 3,0 |
| PHG247 | NosL | 19 | 8,2 | 0 | 2,5 | - | - | - | 3,2 | 3,7 | 3,9 | 4,8 | 4,6 | 4 | 4,5 | 5,2 |
| PHG254 | NosX | 36 | 10,6 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |
| NO Stress | | | | | | | | | | | | | | | | |
| PHG245 | NorA1 | 25 | 6,1 | 0 | 6,9 | 6,3 | 7,4 | 6,8 | 7,1 | 6,3 | 4,7 | 6 | 5,6 | 5,2 | 5,2 | 5,6 |
| H16_B2324 | NorA2 | 26 | 6,4 | 0 | 7,1 | 6,0 | 7,2 | 6,3 | 6,8 | 5,5 | 4,8 | 6,5 | 6,1 | 5,4 | 5,8 | 6 |
| Signalsensierung | | | | | | | | | | | | | | | | |
| PHG265 | NarX1 | 72 | 6,8 | 2 | - | - | - | - | - | - | 5,5 | 6,1 | 5,8 | 6,6 | 5,7 | 6,0 |
| PHG266 | NarL1 | 24 | 5,5 | 0 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | 1 | - | - |
| H16_B2333 | NarX2 | 73 | 6,6 | 2 | - | - | - | - | - | - | - | - | 4,6 | 4,7 | 4,2 | 4,5 |

Tabelle 14 Vergleich anaerob vs. aerob: Regulationsprofil der im PHB-Metabolismus involvierten Proteine. Für den Vergleich anaerob (Zeitpunkte A und D) vs. aerob (+O₂) sind die Log₂R-Werte für die lösliche und Membranfraktion angegeben. Fett gedruckte Werte zeigen eine *on/off*-Regulation an. Weiterhin sind der Tabelle für jedes Protein die molekulare Masse (MW) in kDa und der isoelektrische Punkt (pI) zu entnehmen. "-", nicht detektiert.

| Locus Tag | Protein | Beschreibung | MW, kDa | pI | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | |
|--------------------------|-----------|--|---------|-----|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------------------|
| | | | | | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) |
| PHA-Synthase | | | | | | | | |
| H16_A1437 | PhaC1 | PHB-Polymerase | 64 | 6,5 | 1,1 | 0,8 | 0,2 | -0,5 |
| H16_A2003 | PhaC2 | PHB-Polymerase | 65 | 6,5 | - | - | - | - |
| β-Ketoacyl-CoA-Thiolase | | | | | | | | |
| H16_A1438 | PhaA | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 7,9 | 0,3 | 0,5 | 4,7 | 5,4 |
| H16_A1445 | BktB | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,9 | -1,6 | -0,3 | -4,3 | 2,5 |
| H16_A0170 | H16_A0170 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,9 | 0,3 | 1 | - | 3,3 |
| H16_A0462 | H16_A0462 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 42 | 6,6 | - | - | - | - |
| H16_A1528 | H16_A1528 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 7,1 | -0,5 | -1,3 | - | 2,3 |
| H16_A1713 | H16_A1713 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,5 | -2,3 | -1,1 | - | - |
| H16_A1720 | H16_A1720 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 42 | 6,3 | - | - | - | - |
| H16_A1887 | H16_A1887 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 42 | 6,5 | - | - | - | - |
| H16_B0200 | PcaF | β-Ketoadipyl-CoA-Thiolase | 42 | 6,7 | -0,4 | -0,2 | - | - |
| H16_B0381 | H16_B0381 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,5 | - | - | - | - |
| H16_B0662 | H16_B0662 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 40 | 6,9 | - | - | - | - |
| H16_B0668 | H16_B0668 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 42 | 7,2 | - | - | - | - |
| H16_B0759 | H16_B0759 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,9 | -0,1 | 0,5 | - | - |
| H16_B1369 | H16_B1369 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 43 | 6,4 | - | - | - | - |
| H16_B1771 | H16_B1771 | Acetyl-CoA-Acetyltransferase | 41 | 6,5 | - | - | - | - |
| β-Ketoacyl-CoA-Reduktase | | | | | | | | |
| H16_A1439 | PhaB1 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 26 | 7,2 | 0,3 | -0,7 | 3,6 | 2,3 |
| H16_A2002 | PhaB2 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 27 | 7,2 | 4,8 | 4,4 | - | 3,6 |
| H16_A2171 | PhaB3 | Acetoacetyl-CoA-Reduktase | 25 | 6,9 | -4 | -4 | -1,4 | -3,2 |
| H16_A0743 | H16_A0743 | Dehydrogenase | 27 | 7,4 | -0,3 | 0,9 | - | - |
| H16_A0931 | H16_A0931 | Dehydrogenase | 27 | 8,7 | -2,3 | -2,5 | 1,2 | 0,5 |
| H16_A1267 | H16_A1267 | Dehydrogenase | 27 | 8,3 | - | - | - | - |
| H16_A1287 | H16_A1287 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 29 | 7,4 | - | - | - | - |
| H16_A1325 | H16_A1325 | Dehydrogenase | 28 | 6,9 | -0,1 | -0,4 | 0,9 | 1,4 |
| H16_A1334 | H16_A1334 | PHB-Dehydrogenase | 27 | 6,7 | 0,2 | 0,4 | 1,1 | 1 |
| H16_A1531 | H16_A1531 | Dehydrogenase | 27 | 6,5 | -2,1 | 0,3 | - | - |
| H16_A1814 | H16_A1814 | PHB-Dehydrogenase | 28 | 6,3 | - | - | - | - |
| H16_A2152 | H16_A2152 | Short-chain-Dehydrogenase | 32 | 7,1 | - | - | - | - |
| H16_A2460 | AbmB | putative β-Hydroxyacyl-CoA-Dehydrogenase | 27 | 7,3 | - | - | - | - |
| H16_A2473 | H16_A2473 | Dehydrogenase | 25 | 6,5 | - | - | - | - |
| H16_A2567 | FabG | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26 | 8,0 | -0,2 | -0,1 | -3 | 0,1 |
| H16_A3164 | H16_A3164 | putative Dehydrogenase | 26 | 6,2 | -0,9 | -1 | -2,1 | -2,1 |
| H16_A3487 | H16_A3487 | putative Dehydrogenase | 27 | 6,2 | 1,9 | 0,6 | - | - |
| H16_B0062 | H16_B0062 | Dehydrogenase | 27 | 6,4 | -2,7 | -0,1 | -2,6 | -0,4 |
| H16_B0101 | H16_B0101 | Dehydrogenase | 25 | 5,7 | - | - | - | - |
| H16_B0201 | H16_B0201 | Dehydrogenase | 25 | 7,3 | - | - | - | - |
| H16_B0361 | H16_B0361 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26 | 7,3 | - | - | - | - |
| H16_B0385 | H16_B0385 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 27 | 6,6 | - | - | - | - |
| H16_B0394 | H16_B0394 | Dehydrogenase | 34 | 6,7 | - | - | - | - |
| H16_B0601 | H16_B0601 | Cyclohexanol-Dehydrogenase | 27 | 6,1 | -1,4 | -0,2 | - | - |
| H16_B0651 | H16_B0651 | Dehydrogenase | 29 | 6,0 | - | - | - | - |
| H16_B0663 | H16_B0663 | Short-chain-Alkoholdehydrogenase | 30 | 6,0 | - | - | - | - |
| H16_B0666 | H16_B0666 | Short-chain-Dehydrogenase | 28 | 7,1 | - | - | - | - |
| H16_B0687 | H16_B0687 | Short-chain-Dehydrogenase | 32 | 6,9 | -0,2 | -0,4 | - | - |

| Locus Tag | Protein | Beschreibung | MW, kDa | pI | Lösliche Fraktion | | Membranfraktion | |
|---|-----------|--|------------|------|--|--|--|--|
| | | | | | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) | Log ₂ (A/+O ₂) | Log ₂ (D/+O ₂) |
| H16_B0713 | H16_B0713 | Short-chain-Alkohol-Dehydrogenase | 27 | 7,8 | -0,7 | 0,6 | - | - |
| H16_B1075 | H16_B1075 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 27 | 6,6 | - | - | - | - |
| H16_B1240 | H16_B1240 | Dehydrogenase | 27 | 7,9 | -0,1 | -0,4 | - | - |
| H16_B1297 | H16_B1297 | Dehydrogenase | 26 | 5,4 | - | - | - | - |
| H16_B1334 | H16_B1334 | Dehydrogenase | 28 | 7,4 | - | - | - | - |
| H16_B1442 | H16_B1442 | Dehydrogenase | 28 | 7,3 | - | - | - | - |
| H16_B1696 | H16_B1696 | Dehydrogenase | 26 | 7,0 | - | - | - | - |
| H16_B1834 | H16_B1834 | Alkohol-Dehydrogenase | 26 | 6,8 | - | - | - | - |
| H16_B1904 | H16_B1904 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 27 | 7,1 | - | - | - | - |
| H16_B2339 | H16_B2339 | Dehydrogenase | 30 | 6,5 | - | - | - | - |
| H16_B2510 | H16_B2510 | 3-Oxoacyl-[Acyl-Carrier-Protein]-Reduktase | 26 | 8,0 | - | - | - | - |
| Phasine | | | | | | | | |
| H16_A1381 | PhaP1 | Phasin (PHA-Granula-assoziiert) | 20 | 6,2 | -3 | -2,1 | -0,7 | -0,4 |
| PHG202 | PhaP2 | Phasin | 20 | 6,3 | 3,1 | - | 4,6 | 4 |
| H16_A2172 | PhaP3 | Phasin (PHA-Granula-assoziiert) | 20 | 6,6 | -3 | -3 | -1,4 | -2,2 |
| H16_B2021 | PhaP4 | Phasin (PHA-Granula-assoziiert) | 20 | 6,2 | - | - | -0,7 | -0,1 |
| H16_B1934 | PhaP5 | Phasin | 16 | 6,6 | - | - | -1,3 | -2,5 |
| H16_A0141 | PhaM | PHB-Granula-assoziiertes Protein | 27 | 5,8 | -2,8 | -2,8 | -0,6 | -0,6 |
| Transkriptionaler Regulator | | | | | | | | |
| H16_A1440 | PhaR | transkriptionaler Regulator der Phasin-Genexpression | 21 | 6,2 | -1,4 | -2,6 | -1,5 | -1,4 |
| PHB-Depolymerase | | | | | | | | |
| H16_A1150 | PhaZ1 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 47 | 6,8 | -0,7 | -0,6 | -0,5 | -2,8 |
| H16_A2862 | PhaZ2 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 45 | 7,3 | - | - | - | - |
| H16_B1014 | PhaZ5 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 45 | 6,3 | - | - | - | - |
| PHG178 | PhaZ | putative PHB-Depolymerase | 27 | 6,5 | - | - | - | - |
| H16_B0339 | PhaZ3 | intrazelluläre PHB-Depolymerase | 45 | 6,9 | - | - | - | - |
| H16_B2073 | PhaZ6 | PHB-Depolymerase | 39 | 9,3 | - | - | - | - |
| H16_B2401 | PhaZ7 | PHB-Depolymerase | 38 | 11,4 | - | - | - | - |
| 3-Hydroxybuttersäure-Oligomerhydrolase | | | | | | | | |
| H16_A2251 | PhaY1 | D-(-)-3-Hydroxybutyrat-Oligomerhydrolase | 74 | 6,9 | - | - | -2,6 | -0,9 |
| H16_A1335 | PhaY2 | D-(-)-3-Hydroxybutyrat-Oligomerhydrolase | 32 | 6,6 | -0,7 | 0,2 | - | - |

Tabelle 15 Gencluster der zwei in *R. eutropha* codierten **Typ-VI-Sekretionssysteme**. Die Annotation sowie Zuordnung der COGs (*Cluster of Orthologous Groups*) ist der *In-silico*-Analyse durch Boyer *et al.* (2009) entnommen. Die COG-Beschreibung ist gemäß den Einträgen der NCBI Datenbank angegeben (Marchler-Bauer *et al.*, 2013). Jedem LocusTag ist der Proteinname des homologen Proteins des Typ-VI-Sekretionssystems aus *Burkholderia mallei* (Schell *et al.*, 2007) zugewiesen.

| Locus Tag | Protein | COG | COG-Beschreibung |
|--|--------------|---------|--|
| Typ-VI-Sekretionssystem der Subgruppe III | | | |
| H16_A0645 | BimE | COG3515 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0646 | TssE | COG3520 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0647 | TssD | COG3519 | Typ-VI-Protein-Sekretionssystemkomponente VasA [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0648 | TssC | COG3518 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0651 | ClpV1 | COG0542 | ClpA, ATP-bindende Untereinheiten der Clp Protease und DnaK/DnaJ Chaperone [posttranslationale Modifikation, Proteinab-/aufbau, Chaperone] |
| H16_A0652 | TssA | COG3516 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0653 | TssB | COG3517 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0654 | Hcp1 | COG3157 | Hcp, Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente Hcp (sekretiertes Cytotoxin) [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0656 | VgrG | COG3501 | VgrG, uncharakterisiertes, konserviertes Protein [Funktion unbekannt] |
| H16_A0660 | TssJ | COG3521 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0661 | TssK | COG3522 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0662 | TssL | COG3455 | Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente VasF [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_A0663 | TssM | COG3523 | IcmF, Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente VasK [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| Typ-VI-Sekretionssystem der Subgruppe IV | | | |
| H16_B2415 | BimE | COG3515 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2416 | TssM | COG3523 | IcmF, Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente VasK [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2417 | TssL | COG3455 | Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente VasF [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2418 | TssK | COG3522 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2427 | VgrG | COG3501 | VgrG, uncharakterisiertes, konserviertes Protein [Funktion unbekannt] |
| H16_B2428 | ClpV1 | COG0542 | ClpA, ATP-bindende Untereinheiten der Clp Protease und DnaK/DnaJ Chaperone [posttranslationale Modifikation, Proteinab-/aufbau, Chaperone] |
| H16_B2429 | TssE | COG3520 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2430 | TssD | COG3519 | Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente VasA [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2431 | TssC | COG3518 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2432 | Hcp1 | COG3157 | Hcp, Typ-VI-Proteinsekretionssystemkomponente Hcp (sekretiertes Cytotoxin) [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2433 | TssB | COG3517 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |
| H16_B2434 | TssA | COG3516 | vorhergesagte Komponente eines Typ-VI-Proteinsekretionssystems [intrazellulärer Transport/Sekretionsprozesse] |

6. Literatur

- Adames, K., K. Euting, A. Bröker und A. Steinbüchel (2013). "Investigations on three genes in *Ralstonia eutropha* H16 encoding putative cyanophycin metabolizing enzymes." Appl Microbiol Biotechnol **97**(8): 3579-3591.
- Aebersold, R. und M. Mann (2003). "Mass spectrometry-based proteomics." Nature **422**(6928): 198-207.
- Altermann, W. und J. Kazmierczak (2003). "Archean microfossils: a reappraisal of early life on Earth." Res Microbiol **154**(9): 611-617.
- Altschul, S. F., W. Gish, W. Miller, E. W. Myers und D. J. Lipman (1990). "Basic local alignment search tool." J Mol Biol **215**(3): 403-410.
- Anderson, N. G. und N. L. Anderson (1996). "Twenty years of two-dimensional electrophoresis: past, present and future." Electrophoresis **17**(3): 443-453.
- Anderson, N. L. und N. G. Anderson (1998). "Proteome and proteomics: new technologies, new concepts, and new words." Electrophoresis **19**(11): 1853-1861.
- Aragno, M. und H. G. Schlegel (1992). The mesophilic hydrogen-oxidizing (knallgas) bacteria. The Prokaryotes, Springer-Verlag, New York: 344-384.
- Aragno, M., A. Walther-Mauruschat, F. Mayer und H. G. Schlegel (1977). "Micromorphology of Gram-negative hydrogen bacteria. I. Cell morphology and flagellation." Arch Microbiol **114**(2): 93-100.
- Arai, H., Y. Igarashi und T. Kodama (1995). "Expression of the *nir* and *nor* genes for denitrification of *Pseudomonas aeruginosa* requires a novel CRP/FNR-related transcriptional regulator, DNR, in addition to ANR." FEBS Lett **371**(1): 73-76.
- Armengaud, J. (2013). "Microbiology and proteomics, getting the best of both worlds!" Environ Microbiol **15**(1): 12-23.
- Attack, J. M., Y. N. Srikhanta, K. Y. Djoko, J. P. Welch, N. H. M. Hasri, C. T. Steichen, R. N. Vanden Hoven, S. M. Grimmond, D. S. M. P. Othman, U. Kappler, M. A. Apicella, M. P. Jennings, J. L. Edwards und A. G. McEwan (2013). "Characterization of an *ntrX* Mutant of *Neisseria gonorrhoeae* Reveals a Response Regulator That Controls Expression of Respiratory Enzymes in Oxidase-Positive Proteobacteria." Journal of Bacteriology **195**(11): 2632-2641.
- Bakken, L. R., L. Bergaust, B. Liu und Å. Frostegård (2012). "Regulation of denitrification at the cellular level: a clue to the understanding of N₂O emissions from soils." Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci **367**(1593): 1226-1234.
- Baldrian, P. und R. Lopéz-Mondéjar (2014). "Microbial genomics, transcriptomics and proteomics: new discoveries in decomposition research using complementary methods." Appl Microbiol Biotechnol **98**(4): 1531-1537.
- Banerjee, S., A. K. Nandyala, P. Raviprasad, N. Ahmed und S. E. Hasnain (2007). "Iron-dependent RNA-binding activity of *Mycobacterium tuberculosis* aconitase." J Bacteriol **189**(11): 4046-4052.
- Bantscheff, M., M. Schirle, G. Sweetman, J. Rick und B. Kuster (2007). "Quantitative mass spectrometry in proteomics: a critical review." Anal Bioanal Chem **389**(4): 1017-1031.
- Bäsell, K., A. Otto, S. Junker, D. Zühlke, G. M. Rappen, S. Schmidt, C. Hentschker, B. Macek, K. Ohlsen, M. Hecker und D. Becher (2014). "The phosphoproteome and its physiological dynamics in *Staphylococcus aureus*." Int J Med Microbiol **304**(2): 121-132.
- Becher, D., K. Hempel, S. Sievers, D. Zühlke, J. Pane-Farre, A. Otto, S. Fuchs, D. Albrecht, J. Bernhardt, S. Engelmann, U. Völker, J. M. van Dijk und M. Hecker (2009). "A proteomic view of an important human pathogen - towards the quantification of the entire *Staphylococcus aureus* proteome." PLoS One **4**(12): e8176.
- Beckett, C. S., J. A. Loughman, K. A. Karberg, G. M. Donato, W. E. Goldman und R. G. Kranz (2000). "Four genes are required for the system II cytochrome c biogenesis pathway in *Bordetella pertussis*, a unique bacterial model." Mol Microbiol **38**(3): 465-481.

- Béjà, O., L. Aravind, E. V. Koonin, M. T. Suzuki, A. Hadd, L. P. Nguyen, S. B. Jovanovich, C. M. Gates, R. A. Feldman, J. L. Spudich, E. N. Spudich und E. F. DeLong (2000). "Bacterial rhodopsin: evidence for a new type of phototrophy in the sea." *Science* **289**(5486): 1902-1906.
- Bender, R. A. (1991). "The role of the NAC protein in the nitrogen regulation of *Klebsiella aerogenes*." *Mol Microbiol* **5**(11): 2575-2580.
- Bender, R. A. (2012). "Regulation of the histidine utilization (hut) system in bacteria." *Microbiol Mol Biol Rev* **76**(3): 565-584.
- Benndorf, D. und U. Reichl (2014). "Proteomics in environmental and technical microbiology." *Engineering in Life Sciences* **14**(1): 27-46.
- Bergaust, L., L. R. Bakken und Å. Frostegård (2011). "Denitrification regulatory phenotype, a new term for the characterization of denitrifying bacteria." *Biochem Soc Trans* **39**(1): 207-212.
- Bergaust, L., J. Shapleigh, Å. Frostegård und L. Bakken (2008). "Transcription and activities of NO_x reductases in *Agrobacterium tumefaciens*: the influence of nitrate, nitrite and oxygen availability." *Environ Microbiol* **10**(11): 3070-3081.
- Bernard, C. S., Y. R. Brunet, E. Gueguen und E. Cascales (2010). "Nooks and crannies in type VI secretion regulation." *J Bacteriol* **192**(15): 3850-3860.
- Bernhard, M., B. Benelli, A. Hochkoeppler, D. Zannoni und B. Friedrich (1997). "Functional and structural role of the cytochrome *b* subunit of the membrane-bound hydrogenase complex of *Alcaligenes eutrophus* H16." *Eur J Biochem* **248**(1): 179-186.
- Bernhard, M., B. Friedrich und R. A. Siddiqui (2000). "*Ralstonia eutropha* TF93 is blocked in tat-mediated protein export." *J Bacteriol* **182**(3): 581-588.
- Bernhard, M., E. Schwartz, J. Rietdorf und B. Friedrich (1996). "The *Alcaligenes eutrophus* membrane-bound hydrogenase gene locus encodes functions involved in maturation and electron transport coupling." *J Bacteriol* **178**(15): 4522-4529.
- Bernhardt, J., K. Büttner, C. Scharf und M. Hecker (1999). "Dual channel imaging of two-dimensional electropherograms in *Bacillus subtilis*." *Electrophoresis* **20**(11): 2225-2240.
- Bibikov, S. I., L. A. Barnes, Y. Gitin und J. S. Parkinson (2000). "Domain organization and flavin adenine dinucleotide-binding determinants in the aerotaxis signal transducer Aer of *Escherichia coli*." *Proc Natl Acad Sci U S A* **97**(11): 5830-5835.
- Bibikov, S. I., R. Biran, K. E. Rudd und J. S. Parkinson (1997). "A signal transducer for aerotaxis in *Escherichia coli*." *J Bacteriol* **179**(12): 4075-4079.
- Bingle, L. E., C. M. Bailey und M. J. Pallen (2008). "Type VI secretion: a beginner's guide." *Curr Opin Microbiol* **11**(1): 3-8.
- Birnboim, H. C. und J. Doly (1979). "A rapid alkaline extraction procedure for screening recombinant plasmid DNA." *Nucleic Acids Res* **7**(6): 1513-1523.
- Blackkolb, F. und H. G. Schlegel (1968). "Katabolische Repression und Enzymhemmung durch molekularen Wasserstoff bei *Hydrogenomonas*." *Arch Mikrobiol* **62**(2): 129-143.
- Blackstock, W. P. und M. P. Weir (1999). "Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins." *Trends Biotechnol* **17**(3): 121-127.
- Bologna, F. P., C. S. Andreo und M. F. Drincovich (2007). "*Escherichia coli* malic enzymes: two isoforms with substantial differences in kinetic properties, metabolic regulation, and structure." *J Bacteriol* **189**(16): 5937-5946.
- Boncompagni, E., L. Dupont, T. Mignot, M. Østerås, A. Lambert, M. C. Poggi und D. Le Rudulier (2000). "Characterization of a *Sinorhizobium meliloti* ATP-binding cassette histidine transporter also involved in betaine and proline uptake." *J Bacteriol* **182**(13): 3717-3725.
- Borgstahl, G. E., D. R. Williams und E. D. Getzoff (1995). "1.4 Å structure of photoactive yellow protein, a cytosolic photoreceptor: unusual fold, active site, and chromophore." *Biochemistry* **34**(19): 6278-6287.
- Borisov, V. B., R. B. Gennis, J. Hemp und M. I. Verkhovsky (2011). "The cytochrome *bd* respiratory oxygen reductases." *Biochim Biophys Acta* **1807**(11): 1398-1413.

- Bosma, G., M. Braster, A. H. Stouthamer und H. W. van Verseveld (1987). "Isolation and characterization of ubiquinol oxidase complexes from *Paracoccus denitrificans* cells cultured under various limiting growth conditions in the chemostat." *Eur J Biochem* **165**(3): 657-663.
- Bowien, B. und B. Kusian (2002). "Genetics and control of CO₂ assimilation in the chemoautotroph *Ralstonia eutropha*." *Arch Microbiol* **178**(2): 85-93.
- Bowien, B. und H. G. Schlegel (1981). "Physiology and biochemistry of aerobic hydrogen-oxidizing bacteria." *Annu Rev Microbiol* **35**: 405-452.
- Boyer, F., G. Fichant, J. Berthod, Y. Vandenbrouck und I. Attree (2009). "Dissecting the bacterial type VI secretion system by a genome wide *in silico* analysis: what can be learned from available microbial genomic resources?" *BMC Genomics* **10**: 104.
- Bradford, M. M. (1976). "A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding." *Anal Biochem* **72**: 248-254.
- Braman, R. S. und S. A. Hendrix (1989). "Nanogram nitrite and nitrate determination in environmental and biological materials by vanadium (III) reduction with chemiluminescence detection." *Anal Chem* **61**(24): 2715-2718.
- Brandt, U., M. Raberg, B. Voigt, M. Hecker und A. Steinbüchel (2012). "Elevated poly(3-hydroxybutyrate) synthesis in mutants of *Ralstonia eutropha* H16 defective in lipopolysaccharide biosynthesis." *Appl Microbiol Biotechnol* **95**(2): 471-483.
- Brigham, C., C. Gai, J. Lu, D. Speth, R. M. Worden und A. Sinskey (2013). Engineering *Ralstonia eutropha* for Production of Isobutanol from CO₂, H₂, and O₂. *Advanced Biofuels and Bioproducts*. J. W. Lee, Springer New York: 1065-1090.
- Brigham, C. J., C. F. Budde, J. W. Holder, Q. Zeng, A. E. Mahan, C. Rha und A. J. Sinskey (2010). "Elucidation of β -oxidation pathways in *Ralstonia eutropha* H16 by examination of global gene expression." *J Bacteriol* **192**(20): 5454-5464.
- Brigham, C. J., D. R. Speth, C. Rha und A. J. Sinskey (2012). "Whole-genome microarray and gene deletion studies reveal regulation of the polyhydroxyalkanoate production cycle by the stringent response in *Ralstonia eutropha* H16." *Appl Environ Microbiol* **78**(22): 8033-8044.
- Bruland, N., I. Voss, C. Brämer und A. Steinbüchel (2010). "Unravelling the C₃/C₄ carbon metabolism in *Ralstonia eutropha* H16." *J Appl Microbiol* **109**(1): 79-90.
- Budde, C. F., A. E. Mahan, J. Lu, C. Rha und A. J. Sinskey (2010). "Roles of multiple acetoacetyl coenzyme A reductases in polyhydroxybutyrate biosynthesis in *Ralstonia eutropha* H16." *J Bacteriol* **192**(20): 5319-5328.
- Budde, C. F., S. L. Riedel, F. Hübner, S. Risch, M. K. Popović, C. Rha und A. J. Sinskey (2011). "Growth and polyhydroxybutyrate production by *Ralstonia eutropha* in emulsified plant oil medium." *Appl Microbiol Biotechnol* **89**(5): 1611-1619.
- Buhrke, T., O. Lenz, A. Porthun und B. Friedrich (2004). "The H₂-sensing complex of *Ralstonia eutropha*: interaction between a regulatory [NiFe] hydrogenase and a histidine protein kinase." *Mol Microbiol* **51**(6): 1677-1689.
- Burgdorf, T., D. Böttner und B. Bowien (2001). "Involvement of an Unusual *mol* Operon in Molybdopterin Cofactor Biosynthesis in *Ralstonia eutropha*." *J Mol Microbiol Biotechnol* **3**(4): 619-629.
- Burgdorf, T., O. Lenz, T. Buhrke, E. van der Linden, A. K. Jones, S. P. Albracht und B. Friedrich (2005). "[NiFe]-hydrogenases of *Ralstonia eutropha* H16: modular enzymes for oxygen-tolerant biological hydrogen oxidation." *J Mol Microbiol Biotechnol* **10**(2-4): 181-196.
- Busch, A., K. Strube, B. Friedrich und R. Cramm (2005). "Transcriptional regulation of nitric oxide reduction in *Ralstonia eutropha* H16." *Biochem Soc Trans* **33**(Pt 1): 193-194.
- Butala, M., D. Žgur-Bertok und S. J. Busby (2009). "The bacterial LexA transcriptional repressor." *Cell Mol Life Sci* **66**(1): 82-93.
- Caldara, M., P. N. Minh, S. Bostoen, J. Massant und D. Charlier (2007). "ArgR-dependent repression of arginine and histidine transport genes in *Escherichia coli* K-12." *J Mol Biol* **373**(2): 251-267.
- Carr, G. J. und S. J. Ferguson (1990). "The nitric oxide reductase of *Paracoccus denitrificans*." *Biochem J* **269**(2): 423-429.

- Cases, I., F. Velázquez und V. de Lorenzo (2007). "The ancestral role of the phosphoenolpyruvate-carbohydrate phosphotransferase system (PTS) as exposed by comparative genomics." Res Microbiol **158**(8-9): 666-670.
- Casino, P., V. Rubio und A. Marina (2010). "The mechanism of signal transduction by two-component systems." Curr Opin Struct Biol **20**(6): 763-771.
- Cavalheiro, J. M., R. S. Raposo, M. C. de Almeida, M. T. Cesário, C. Sevrin, C. Grandfils und M. M. da Fonseca (2012). "Effect of cultivation parameters on the production of poly(3-hydroxybutyrate-co-4-hydroxybutyrate) and poly(3-hydroxybutyrate-4-hydroxybutyrate-3-hydroxyvalerate) by *Cupriavidus necator* using waste glycerol." Bioresour Technol **111**: 391-397.
- Cavalier-Smith, T. (2006). "Cell evolution and Earth history: stasis and revolution." Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci **361**(1470): 969-1006.
- Chen, L. M. und S. Maloy (1991). "Regulation of proline utilization in enteric bacteria: cloning and characterization of the *Klebsiella put* control region." J Bacteriol **173**(2): 783-790.
- Chen, W. P. und T. T. Kuo (1993). "A simple and rapid method for the preparation of gram-negative bacterial genomic DNA." Nucleic Acids Res **21**(9): 2260.
- Colburn-Clifford, J. und C. Allen (2010). "A *cbb₃*-type cytochrome C oxidase contributes to *Ralstonia solanacearum* R3bv2 growth in microaerobic environments and to bacterial wilt disease development in tomato." Mol Plant Microbe Interact **23**(8): 1042-1052.
- Collado, N., G. Buttiglieri, B. A. Kolvenbach, J. Comas, P. F. Corvini und I. Rodriguez-Roda (2013). "Exploring the potential of applying proteomics for tracking bisphenol A and nonylphenol degradation in activated sludge." Chemosphere **90**(8): 2309-2314.
- Collier, D. N., P. W. Hager und P. V. Phibbs, Jr. (1996). "Catabolite repression control in the *Pseudomonads*." Res Microbiol **147**(6-7): 551-561.
- Coltella, L., L. Mancinelli, M. Onori, B. Lucignano, D. Menichella, R. Sorge, M. Raponi, R. Mancini und C. Russo (2013). "Advancement in the routine identification of anaerobic bacteria by MALDI-TOF mass spectrometry." Eur J Clin Microbiol Infect Dis **32**(9): 1183-1192.
- Conejo, M. S., S. M. Thompson und B. G. Miller (2010). "Evolutionary bases of carbohydrate recognition and substrate discrimination in the ROK protein family." J Mol Evol **70**(6): 545-556.
- Conrad, R. (1996). "Soil microorganisms as controllers of atmospheric trace gases (H₂, CO, CH₄, OCS, N₂O, and NO)." Microbiol Rev **60**(4): 609-640.
- Conrads, T. P., H. J. Issaq und T. D. Veenstra (2002). "New tools for quantitative phosphoproteome analysis." Biochem Biophys Res Commun **290**(3): 885-890.
- Conway, T. (1992). "The Entner-Doudoroff pathway: history, physiology and molecular biology." FEMS Microbiol Rev **9**(1): 1-27.
- Cook, A. und H. Schlegel (1978). "Metabolite concentrations in *Alcaligenes eutrophus* H 16 and a mutant defective in poly- β -hydroxybutyrate synthesis." Archives of Microbiology **119**(3): 231-235.
- Cosseau, C. und J. Batut (2004). "Genomics of the *ccoNOQP*-encoded *cbb₃* oxidase complex in bacteria." Arch Microbiol **181**(2): 89-96.
- Cramm, R. (2009). "Genomic view of energy metabolism in *Ralstonia eutropha* H16." J Mol Microbiol Biotechnol **16**(1-2): 38-52.
- Cramm, R., A. Busch und K. Strube (2006). "NO-dependent transcriptional activation of gene expression in *Ralstonia eutropha* H16." Biochem Soc Trans **34**(Pt 1): 182-184.
- Cramm, R., A. Pohlmann und B. Friedrich (1999). "Purification and characterization of the single-component nitric oxide reductase from *Ralstonia eutropha* H16." FEBS Lett **460**(1): 6-10.
- Cramm, R., R. A. Siddiqui und B. Friedrich (1994). "Primary sequence and evidence for a physiological function of the flavohemoprotein of *Alcaligenes eutrophus*." J Biol Chem **269**(10): 7349-7354.
- Cramm, R., R. A. Siddiqui und B. Friedrich (1997). "Two isofunctional nitric oxide reductases in *Alcaligenes eutrophus* H16." J Bacteriol **179**(21): 6769-6777.

- Cramm, R. und K. Strube (2008). "Redox-controlled dinitrosyl formation at the diiron-oxo center of NorA." Methods Enzymol **437**: 103-116.
- Cravatt, B. F., G. M. Simon und J. R. Yates, 3rd (2007). "The biological impact of mass-spectrometry-based proteomics." Nature **450**(7172): 991-1000.
- Crooks, G. E., G. Hon, J. M. Chandonia und S. E. Brenner (2004). "WebLogo: a sequence logo generator." Genome Res **14**(6): 1188-1190.
- Cui, S. J., L. L. Xu, T. Zhang, M. Xu, J. Yao, C. Y. Fang, Z. Feng, P. Y. Yang, W. Hu und F. Liu (2013). "Proteomic characterization of larval and adult developmental stages in *Echinococcus granulosus* reveals novel insight into host-parasite interactions." J Proteomics **84**: 158-175.
- Cunningham, L., M. J. Gruer und J. R. Guest (1997). "Transcriptional regulation of the aconitase genes (*acnA* and *acnB*) of *Escherichia coli*." Microbiology **143** (Pt 12): 3795-3805.
- Dahl, M. K., D. Schmiedel und W. Hillen (1995). "Glucose and glucose-6-phosphate interaction with Xyl repressor proteins from *Bacillus* spp. may contribute to regulation of xylose utilization." J Bacteriol **177**(19): 5467-5472.
- Davis, D. H., M. Doudoroff, R. Y. Stanier und M. Mandel (1969). "Proposal to reject the genus *Hydrogenomonas*: Taxonomic implications." International Journal of Systematic Bacteriology **19**(4): 375-390.
- Davis, D. H., R. Y. Stanier, M. Doudoroff und M. Mandel (1970). "Taxonomic studies on some gram negative polarly flagellated "hydrogen bacteria" and related species." Arch Mikrobiol **70**(1): 1-13.
- de Berardinis, V., D. Vallenet, V. Castelli, M. Besnard, A. Pinet, C. Cruaud, S. Samair, C. Lechaplais, G. Gyapay, C. Richez, M. Durot, A. Kreimeyer, F. Le Fèvre, V. Schächter, V. Pezo, V. Döring, C. Scarpelli, C. Médigue, G. N. Cohen, P. Marlière, M. Salanoubat und J. Weissenbach (2008). "A complete collection of single-gene deletion mutants of *Acinetobacter baylyi* ADP1." Mol Syst Biol **4**: 174.
- Death, A., L. Notley und T. Ferenci (1993). "Derepression of LamB protein facilitates outer membrane permeation of carbohydrates into *Escherichia coli* under conditions of nutrient stress." J Bacteriol **175**(5): 1475-1483.
- DeCicco, B. T. und P. E. Stukus (1968). "Autotrophic and heterotrophic metabolism of *Hydrogenomonas*. I. Growth yields and patterns under dual substrate conditions." J Bacteriol **95**(4): 1469-1475.
- Del Chierico, F., A. Petrucca, P. Vernocchi, G. Bracaglia, E. Fiscarelli, P. Bernaschi, M. Muraca, A. Urbani und L. Putignani (2014). "Proteomics boosts translational and clinical microbiology." J Proteomics **97**: 69-87.
- Depke, M., K. Surmann, P. Hildebrandt, N. Jehmlich, S. Michalik, S. E. Stanca, W. Fritzsche, U. Völker und F. Schmidt (2014). "Labeling of the pathogenic bacterium *Staphylococcus aureus* with gold or ferric oxide-core nanoparticles highlights new capabilities for investigation of host-pathogen interactions." Cytometry A **85**(2): 140-150.
- Dietrich, J. und U. Henning (1970). "Regulation of pyruvate dehydrogenase complex synthesis in *Escherichia coli* K 12. Identification of the inducing metabolite." Eur J Biochem **14**(2): 258-269.
- Ding, H., C. B. Yip, B. A. Geddes, I. J. Oresnik und M. F. Hynes (2012). "Glycerol utilization by *Rhizobium leguminosarum* requires an ABC transporter and affects competition for nodulation." Microbiology **158**(Pt 5): 1369-1378.
- Drescher, C. (2010). Untersuchungen zum Einfluss des Transkriptionsregulators A1372 auf den N- und H₂- Stoffwechsel von *Ralstonia eutropha* H16. Bachelor, Humboldt-Universität zu Berlin.
- Drummel-Smith, J., E. Winstall, M. G. Bergeron, G. G. Poirier und M. Ouellette (2007). "Comparative proteomics analyses reveal a potential biomarker for the detection of vancomycin-intermediate *Staphylococcus aureus* strains." J Proteome Res **6**(12): 4690-4702.
- Du, G., J. Chen, J. Yu und S. Lun (2001). "Continuous production of poly-3-hydroxybutyrate by *Ralstonia eutropha* in a two-stage culture system." J Biotechnol **88**(1): 59-65.

- Duncan, M. W., R. Aebersold und R. M. Caprioli (2010). "The pros and cons of peptide-centric proteomics." *Nat Biotechnol* **28**(7): 659-664.
- Dutta, R., L. Qin und M. Inouye (1999). "Histidine kinases: diversity of domain organization." *Mol Microbiol* **34**(4): 633-640.
- Eberl, L. und K. Riedel (2011). "Mining quorum sensing regulated proteins - Role of bacterial cell-to-cell communication in global gene regulation as assessed by proteomics." *Proteomics* **11**(15): 3070-3085.
- Eitinger, T. und M. A. Mandrand-Berthelot (2000). "Nickel transport systems in microorganisms." *Arch Microbiol* **173**(1): 1-9.
- El-Mansi, E. M. T., H. G. Nimmo und W. H. Holms (1985). "The role of isocitrate in control of the phosphorylation of isocitrate dehydrogenase in *Escherichia coli* ML308." *Febs Letters* **183**(2): 251-255.
- Elias, D. A., S. L. Tollaksen, D. W. Kennedy, H. M. Mottaz, C. S. Giometti, J. S. McLean, E. A. Hill, G. E. Pinchuk, M. S. Lipton, J. K. Fredrickson und Y. A. Gorby (2008). "The influence of cultivation methods on *Shewanella oneidensis* physiology and proteome expression." *Arch Microbiol* **189**(4): 313-324.
- Ermiler, U., R. A. Siddiqui, R. Cramm und B. Friedrich (1995). "Crystal structure of the flavohemoglobin from *Alcaligenes eutrophus* at 1.75 Å resolution." *EMBO J* **14**(24): 6067-6077.
- Eymann, C., A. Dreisbach, D. Albrecht, J. Bernhardt, D. Becher, S. Gentner, T. Tam le, K. Büttner, G. Buurman, C. Scharf, S. Venz, U. Völker und M. Hecker (2004). "A comprehensive proteome map of growing *Bacillus subtilis* cells." *Proteomics* **4**(10): 2849-2876.
- Feissner, R. E., C. L. Richard-Fogal, E. R. Frawley, J. A. Loughman, K. W. Earley und R. G. Kranz (2006). "Recombinant cytochromes *c* biogenesis systems I and II and analysis of haem delivery pathways in *Escherichia coli*." *Mol Microbiol* **60**(3): 563-577.
- Fenn, J. B., M. Mann, C. K. Meng, S. F. Wong und C. M. Whitehouse (1989). "Electrospray ionization for mass spectrometry of large biomolecules." *Science* **246**(4926): 64-71.
- Ficarro, S. B., M. L. McClelland, P. T. Stukenberg, D. J. Burke, M. M. Ross, J. Shabanowitz, D. F. Hunt und F. M. White (2002). "Phosphoproteome analysis by mass spectrometry and its application to *Saccharomyces cerevisiae*." *Nat Biotechnol* **20**(3): 301-305.
- Filiatrault, M. J., V. E. Wagner, D. Bushnell, C. G. Haidaris, B. H. Iglewski und L. Passador (2005). "Effect of anaerobiosis and nitrate on gene expression in *Pseudomonas aeruginosa*." *Infect Immun* **73**(6): 3764-3772.
- Flores-Ramirez, G., B. Jankovicova, Z. Bilkova, J. A. Miernyk und L. Skultety (2014). "Identification of *Coxiella burnetii* surface-exposed and cell envelope associated proteins using a combined bioinformatics plus proteomics strategy." *Proteomics* **14**(16): 1868-1881.
- Franck, W. L., W. S. Chang, J. Qiu, M. Sugawara, M. J. Sadowsky, S. A. Smith und G. Stacey (2008). "Whole-genome transcriptional profiling of *Bradyrhizobium japonicum* during chemoautotrophic growth." *J Bacteriol* **190**(20): 6697-6705.
- François, P., A. Scherl, D. Hochstrasser und J. Schrenzel (2014). "Proteomic approach to investigate pathogenicity and metabolism of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*." *Methods Mol Biol* **1085**: 231-250.
- Fricke, F. (2005). "Dissertation, Entschlüsselung der Genome von *Ralstonia eutropha* H16 und *Methanospira stadtmanae* und vergleichende Untersuchungen zu Anpassungen der Genomorganisation." *Georg-August-Universität Göttingen*.
- Fricke, W. F., B. Kusian und B. Bowien (2009). "The genome organization of *Ralstonia eutropha* strain H16 and related species of the *Burkholderiaceae*." *J Mol Microbiol Biotechnol* **16**(1-2): 124-135.
- Friedebold, J. und B. Bowien (1993). "Physiological and biochemical characterization of the soluble formate dehydrogenase, a molybdoenzyme from *Alcaligenes eutrophus*." *J Bacteriol* **175**(15): 4719-4728.
- Friedrich, B., J. Fritsch und O. Lenz (2011). "Oxygen-tolerant hydrogenases in hydrogen-based technologies." *Curr Opin Biotechnol* **22**(3): 358-364.

- Friedrich, B. und H. G. Schlegel (1972). "Die Hydroxylierung von Phenylalanin durch *Hydrogenomanas eutropha* H 16." Arch Mikrobiol **83**(1): 17-31.
- Friedrich, C. G. (1982). "Depression of hydrogenase during limitation of electron donors and derepression of ribulosebiphosphate carboxylase during carbon limitation of *Alcaligenes eutrophus*." J Bacteriol **149**(1): 203-210.
- Friedrich, C. G., B. Bowien und B. Friedrich (1979). "Formate and Oxalate Metabolism in *Alcaligenes eutrophus*." J Gen Microbiol **115**(1): 185-192.
- Friedrich, C. G., B. Friedrich und B. Bowien (1981). "Formation of Enzymes of Autotrophic Metabolism during Heterotrophic Growth of *Alcaligenes eutrophus*." Journal of General Microbiology **122**(Jan): 69-78.
- Friedrich, C. G. und G. Mitrenga (1981). "Oxidation of thiosulfate by *Paracoccus denitrificans* and other hydrogen bacteria." Fems Microbiology Letters **10**(2): 209-212.
- Friedrich, C. G., A. Quentmeier, F. Bardischewsky, D. Rother, R. Kraft, S. Kostka und H. Prinz (2000). "Novel genes coding for lithotrophic sulfur oxidation of *Paracoccus pantotrophus* GB17." J Bacteriol **182**(17): 4677-4687.
- Frielingsdorf, S., J. Fritsch, A. Schmidt, M. Hammer, J. Löwenstein, E. Siebert, V. Pelmeshnikov, T. Jaenicke, J. Kalms, Y. Rippers, F. Lendzian, I. Zebger, C. Teutloff, M. Kaupp, R. Bittl, P. Hildebrandt, B. Friedrich, O. Lenz und P. Scheerer (2014). "Reversible [4Fe-3S] cluster morphing in an O₂-tolerant [NiFe] hydrogenase." Nat Chem Biol **10**(5): 378-385.
- Fritsch, J., O. Lenz und B. Friedrich (2013). "Structure, function and biosynthesis of O₂-tolerant hydrogenases." Nat Rev Microbiol **11**(2): 106-114.
- Fritsch, J., P. Scheerer, S. Frielingsdorf, S. Kroschinsky, B. Friedrich, O. Lenz und C. M. Spahn (2011). "The crystal structure of an oxygen-tolerant hydrogenase uncovers a novel iron-sulphur centre." Nature **479**(7372): 249-252.
- Fritsch, J., E. Siebert, J. Priebe, I. Zebger, F. Lendzian, C. Teutloff, B. Friedrich und O. Lenz (2014). "Rubredoxin-related maturation factor guarantees metal cofactor integrity during aerobic biosynthesis of membrane-bound [NiFe] hydrogenase." J Biol Chem **289**(11): 7982-7993.
- Fuchs, S., D. Zühlke, J. Pané-Farré, H. Kusch, C. Wolf, S. Reiss, T. N. Binh le, D. Albrecht, K. Riedel, M. Hecker und S. Engelmann (2013). "*Aureolib* - a proteome signature library: towards an understanding of *staphylococcus aureus* pathophysiology." PLoS One **8**(8): e70669.
- Fujiki, Y., A. L. Hubbard, S. Fowler und P. B. Lazarow (1982). "Isolation of intracellular membranes by means of sodium carbonate treatment: application to endoplasmic reticulum." J Cell Biol **93**(1): 97-102.
- Fukui, T., M. Mukoyama, I. Orita und S. Nakamura (2014). "Enhancement of glycerol utilization ability of *Ralstonia eutropha* H16 for production of polyhydroxyalkanoates." Appl Microbiol Biotechnol **98**(17): 7559-7568.
- Galperin, M. Y. (2006). "Structural Classification of Bacterial Response Regulators: Diversity of Output Domains and Domain Combinations." J Bacteriol **188**(12): 4169-4182.
- Gao, J., G. J. Opiteck, M. S. Friedrichs, A. R. Dongre und S. A. Hefta (2003). "Changes in the protein expression of yeast as a function of carbon source." J Proteome Res **2**(6): 643-649.
- Gardebrecht, A., S. Markert, S. M. Sievert, H. Felbeck, A. Thürmer, D. Albrecht, A. Wollherr, J. Kabisch, N. Le Bris, R. Lehmann, R. Daniel, H. Liesegang, M. Hecker und T. Schweder (2012). "Physiological homogeneity among the endosymbionts of *Riftia pachyptila* and *Tevnia jerichonana* revealed by proteogenomics." ISME J **6**(4): 766-776.
- Gardner, P. R. (1997). "Superoxide-driven aconitase FE-S center cycling." Biosci Rep **17**(1): 33-42.
- Gardner, P. R., G. Costantino und A. L. Salzman (1998a). "Constitutive and adaptive detoxification of nitric oxide in *Escherichia coli*. Role of nitric-oxide dioxygenase in the protection of aconitase." J Biol Chem **273**(41): 26528-26533.
- Gardner, P. R., A. M. Gardner, L. A. Martin und A. L. Salzman (1998b). "Nitric oxide dioxygenase: an enzymic function for flavohemoglobin." Proc Natl Acad Sci U S A **95**(18): 10378-10383.

- Gardy, J. L., C. Spencer, K. Wang, M. Ester, G. E. Tusnady, I. Simon, S. Hua, K. deFays, C. Lambert, K. Nakai und F. S. Brinkman (2003). "PSORT-B: Improving protein subcellular localization prediction for Gram-negative bacteria." *Nucleic Acids Res* **31**(13): 3613-3617.
- Gerngross, T. U., P. Reilly, J. Stubbe, A. J. Sinskey und O. P. Peoples (1993). "Immunocytochemical analysis of poly- β -hydroxybutyrate (PHB) synthase in *Alcaligenes eutrophus* H16: localization of the synthase enzyme at the surface of PHB granules." *J Bacteriol* **175**(16): 5289-5293.
- Gerngross, T. U., K. D. Snell, O. P. Peoples, A. J. Sinskey, E. Csuhai, S. Masamune und J. Stubbe (1994). "Overexpression and Purification of the Soluble Polyhydroxyalkanoate Synthase from *Alcaligenes eutrophus* - Evidence for a Required Posttranslational Modification for Catalytic Activity." *Biochemistry* **33**(31): 9311-9320.
- Gilles-Gonzalez, M. A. und G. Gonzalez (2004). "Signal transduction by heme-containing PAS-domain proteins." *J Appl Physiol* **96**(2): 774-783.
- Gilles-Gonzalez, M. A., G. Gonzalez, M. F. Perutz, L. Kiger, M. C. Marden und C. Poyart (1994). "Heme-based sensors, exemplified by the kinase FixL, are a new class of heme protein with distinctive ligand binding and autoxidation." *Biochemistry* **33**(26): 8067-8073.
- Giovannoni, S. J., L. Bibbs, J. C. Cho, M. D. Stapels, R. Desiderio, K. L. Vergin, M. S. Rappé, S. Laney, L. J. Wilhelm, H. J. Tripp, E. J. Mathur und D. F. Barofsky (2005). "Proteorhodopsin in the ubiquitous marine bacterium SAR11." *Nature* **438**(7064): 82-85.
- Glaeser, H. und H. G. Schlegel (1972). "Synthese der Enzyme des Tricarbonsäure-Cyclus in *Hydrogenomonas eutropha* Stamm H 16." *Arch Mikrobiol* **86**(4): 315-325.
- Gong, W., B. Hao, S. S. Mansy, G. Gonzalez, M. A. Gilles-Gonzalez und M. K. Chan (1998). "Structure of a biological oxygen sensor: a new mechanism for heme-driven signal transduction." *Proc Natl Acad Sci U S A* **95**(26): 15177-15182.
- Görg, A., O. Drews, C. Lück, F. Weiland und W. Weiss (2009). "2-DE with IPGs." *Electrophoresis* **30 Suppl 1**: S122-132.
- Görke, B. und J. Stülke (2008). "Carbon catabolite repression in bacteria: many ways to make the most out of nutrients." *Nat Rev Microbiol* **6**(8): 613-624.
- Gottschalk, G. (1964). "Die Biosynthese der Poly- β -hydroxybuttersäure durch Knallgasbakterien. I. Ermittlung der ^{14}C -Verteilung in Poly- β -hydroxybuttersäure." *Arch Mikrobiol* **47**: 225-229.
- Gottschalk, G. (1965). "Die Verwertung organischer Substrate durch *Hydrogenomonas* in Gegenwart von molekularem Wasserstoff." *Biochem Z* **341**: 260-270.
- Gottschalk, G., U. Eberhardt und H. G. Schlegel (1964). "Verwertung von Fructose durch *Hydrogenomonas* H16. (I.)." *Arch Mikrobiol* **48**: 95-108.
- Green, J., M. R. Stapleton, L. J. Smith, P. J. Artymiuk, C. Kahramanoglou, D. M. Hunt und R. S. Buxton (2014). "Cyclic-AMP and bacterial cyclic-AMP receptor proteins revisited: adaptation for different ecological niches." *Curr Opin Microbiol* **18**: 1-7.
- Greening, C. und G. M. Cook (2014). "Integration of hydrogenase expression and hydrogen sensing in bacterial cell physiology." *Curr Opin Microbiol* **18**: 30-38.
- Gruber, S., J. Hagen, H. Schwab und P. Koefinger (2014). "Versatile and stable vectors for efficient gene expression in *Ralstonia eutropha* H16." *J Biotechnol* **186C**: 74-82.
- Grunwald, S., A. Mottet, E. Grousseau, J. K. Plassmeier, M. K. Popović, J. L. Uribelarrea, N. Gorret, S. E. Guillouet und A. Sinskey (2014). "Kinetic and stoichiometric characterization of organoautotrophic growth of *Ralstonia eutropha* on formic acid in fed-batch and continuous cultures." *Microb Biotechnol*.
- Gu, Q. und L. R. Yu (2014). "Proteomics quality and standard: from a regulatory perspective." *J Proteomics* **96**: 353-359.
- Gupta, K. J., J. K. Shah, Y. Brotman, K. Jahnke, L. Willmitzer, W. M. Kaiser, H. Bauwe und A. U. Igamberdiev (2012). "Inhibition of aconitase by nitric oxide leads to induction of the alternative oxidase and to a shift of metabolism towards biosynthesis of amino acids." *J Exp Bot* **63**(4): 1773-1784.

- Gygi, S. P., B. Rist, S. A. Gerber, F. Turecek, M. H. Gelb und R. Aebersold (1999). "Quantitative analysis of complex protein mixtures using isotope-coded affinity tags." Nat Biotechnol **17**(10): 994-999.
- Hamblin, M. J., J. G. Shaw und D. J. Kelly (1993). "Sequence analysis and interposon mutagenesis of a sensor-kinase (DctS) and response-regulator (DctR) controlling synthesis of the high-affinity C4-dicarboxylate transport system in *Rhodobacter capsulatus*." Mol Gen Genet **237**(1-2): 215-224.
- Han, M. J. und S. Y. Lee (2006). "The *Escherichia coli* proteome: past, present, and future prospects." Microbiol Mol Biol Rev **70**(2): 362-439.
- Hansen, H. G. und U. Henning (1966). "Regulation of pyruvate dehydrogenase activity in *Escherichia coli* K12." Biochim Biophys Acta **122**(2): 355-358.
- Hasegawa, N., H. Arai und Y. Igarashi (2001). "Two c-type cytochromes, NirM and NirC, encoded in the *nir* gene cluster of *Pseudomonas aeruginosa* act as electron donors for nitrite reductase." Biochem Biophys Res Commun **288**(5): 1223-1230.
- Hausladen, A. und I. Fridovich (1994). "Superoxide and peroxynitrite inactivate aconitases, but nitric oxide does not." J Biol Chem **269**(47): 29405-29408.
- Hayward, S. A. L. (2014). "Application of functional 'Omics' in environmental stress physiology: insights, limitations, and future challenges." Current Opinion in Insect Science(0).
- Haywood, G. W., A. J. Anderson und E. A. Dawes (1989). "The importance of PHB-synthase substrate-specificity in polyhydroxyalkanoate synthesis by *Alcaligenes eutrophus*." Fems Microbiology Letters **57**(1): 1-6.
- Hebert, A. S., A. L. Richards, D. J. Bailey, A. Ulbrich, E. E. Coughlin, M. S. Westphall und J. J. Coon (2014). "The one hour yeast proteome." Mol Cell Proteomics **13**(1): 339-347.
- Hecker, M. (2003). "A proteomic view of cell physiology of *Bacillus subtilis* - bringing the genome sequence to life." Adv Biochem Eng Biotechnol **83**: 57-92.
- Hecker, M., H. Antelmann, K. Büttner und J. Bernhardt (2008). "Gel-based proteomics of Gram-positive bacteria: a powerful tool to address physiological questions." Proteomics **8**(23-24): 4958-4975.
- Hein, S. und A. Steinbüchel (1994). "Biochemical and molecular characterization of the *Alcaligenes eutrophus* pyruvate dehydrogenase complex and identification of a new type of dihydrolipoamide dehydrogenase." J Bacteriol **176**(14): 4394-4408.
- Heller, K. B., E. C. Lin und T. H. Wilson (1980). "Substrate specificity and transport properties of the glycerol facilitator of *Escherichia coli*." J Bacteriol **144**(1): 274-278.
- Henderson, R. A. und C. W. Jones (1997). "Poly-3-hydroxybutyrate production by washed cells of *Alcaligenes eutrophus*; purification, characterisation and potential regulatory role of citrate synthase." Arch Microbiol **168**(6): 486-492.
- Hendrickson, E. L., Q. Xia, T. Wang, J. A. Leigh und M. Hackett (2006). "Comparison of spectral counting and metabolic stable isotope labeling for use with quantitative microbial proteomics." Analyst **131**(12): 1335-1341.
- Henzel, W. J., C. Watanabe und J. T. Stults (2003). "Protein identification: the origins of peptide mass fingerprinting." J Am Soc Mass Spectrom **14**(9): 931-942.
- Hettmann, T., R. A. Siddiqui, C. Frey, T. Santos-Silva, M. J. Romão und S. Diekmann (2004). "Mutagenesis study on amino acids around the molybdenum centre of the periplasmic nitrate reductase from *Ralstonia eutropha*." Biochem Biophys Res Commun **320**(4): 1211-1219.
- Hettmann, T., R. A. Siddiqui, J. von Langen, C. Frey, M. J. Romão und S. Diekmann (2003). "Mutagenesis study on the role of a lysine residue highly conserved in formate dehydrogenases and periplasmic nitrate reductases." Biochem Biophys Res Commun **310**(1): 40-47.
- Heumann, H. (2000). Method for labeling biopolymers using isotopes. Int. Appl. Publ. International patent PCT. **WO0012140**.

- Hickman, J. W., R. D. Barber, E. P. Skaar und T. J. Donohue (2002). "Link between the Membrane-Bound Pyridine Nucleotide Transhydrogenase and Glutathione-Dependent Processes in *Rhodobacter sphaeroides*." Journal of Bacteriology **184**(2): 400-409.
- Hiller, K., A. Grote, M. Maneck, R. Münch und D. Jahn (2006). "JVirGel 2.0: computational prediction of proteomes separated via two-dimensional gel electrophoresis under consideration of membrane and secreted proteins." Bioinformatics **22**(19): 2441-2443.
- Höfle, C. (2005). Untersuchungen zur genetischen Regulation der CO₂-Assimilation in *Ralstonia* spp. Dr. rer. nat. Dissertation, Georg-August-Universität zu Göttingen.
- Horch, M., L. Lauterbach, O. Lenz, P. Hildebrandt und I. Zebger (2012). "NAD(H)-coupled hydrogen cycling - structure-function relationships of bidirectional [NiFe] hydrogenases." FEBS Lett **586**(5): 545-556.
- Horch, M., Y. Rippers, M. A. Mroginski, P. Hildebrandt und I. Zebger (2013). "Combining spectroscopy and theory to evaluate structural models of metalloenzymes: a case study on the soluble [NiFe] hydrogenase from *Ralstonia eutropha*." Chemphyschem **14**(1): 185-191.
- Huang, C. H. und S. H. Chiou (2014). "Clinical proteomics identifies potential biomarkers in *Helicobacter pylori* for gastrointestinal diseases." World J Gastroenterol **20**(6): 1529-1536.
- Ihara, M., H. Nishihara, K. S. Yoon, O. Lenz, B. Friedrich, H. Nakamoto, K. Kojima, D. Honma, T. Kamachi und I. Okura (2006). "Light-driven hydrogen production by a hybrid complex of a [NiFe]-hydrogenase and the cyanobacterial photosystem I." Photochem Photobiol **82**(3): 676-682.
- Jackson, F. A. und E. A. Dawes (1976). "Regulation of the tricarboxylic acid cycle and poly- β -hydroxybutyrate metabolism in *Azotobacter beijerinckii* grown under nitrogen or oxygen limitation." J Gen Microbiol **97**(2): 303-312.
- Jackson, J. B. (2003). "Proton translocation by transhydrogenase." FEBS Lett **555**(1): 176-177.
- Jani, A. J. und P. A. Cotter (2010). "Type VI Secretion: Not Just for Pathogenesis Anymore." Cell Host & Microbe **8**(1): 2-6.
- Jendrossek, D., H. D. Kratzin und A. Steinbüchel (1993). "The *Alcaligenes eutrophus* *ldh* structural gene encodes a novel type of lactate dehydrogenase." FEMS Microbiol Lett **112**(2): 229-235.
- Jendrossek, D., N. Krüger und A. Steinbüchel (1990). "Characterization of alcohol dehydrogenase genes of derepressible wild-type *Alcaligenes eutrophus* H16 and constitutive mutants." J Bacteriol **172**(9): 4844-4851.
- Johnson, B. F. und R. Y. Stanier (1971). "Regulation of the β -ketoadipate pathway in *Alcaligenes eutrophus*." J Bacteriol **107**(2): 476-485.
- Jordan, P. A., Y. Tang, A. J. Bradbury, A. J. Thomson und J. R. Guest (1999). "Biochemical and spectroscopic characterization of *Escherichia coli* aconitases (AcnA and AcnB)." Biochem J **344 Pt 3**: 739-746.
- Juncker, A. S., H. Willenbrock, G. Von Heijne, S. Brunak, H. Nielsen und A. Krogh (2003). "Prediction of lipoprotein signal peptides in Gram-negative bacteria." Protein Sci **12**(8): 1652-1662.
- Kaddor, C. und A. Steinbüchel (2011). "Effects of homologous phosphoenolpyruvate-carbohydrate phosphotransferase system proteins on carbohydrate uptake and poly(3-Hydroxybutyrate) accumulation in *Ralstonia eutropha* H16." Appl Environ Microbiol **77**(11): 3582-3590.
- Kaddor, C., B. Voigt, M. Hecker und A. Steinbüchel (2012). "Impact of the core components of the phosphoenolpyruvate-carbohydrate phosphotransferase system, HPr and EI, on differential protein expression in *Ralstonia eutropha* H16." J Proteome Res **11**(7): 3624-3636.
- Kalaiyezhini, D. und K. B. Ramachandran (2014). "Biosynthesis of poly-3-hydroxybutyrate (PHB) from glycerol by *Paracoccus denitrificans* in a batch bioreactor - effect of process variables." Preparative Biochemistry and Biotechnology: null-null.
- Kan, B., H. Habibi, M. Schmid, W. Liang, R. Wang, D. Wang und P. R. Jungblut (2004). "Proteome comparison of *Vibrio cholerae* cultured in aerobic and anaerobic conditions." Proteomics **4**(10): 3061-3067.

- Kappler, U., C. G. Friedrich, H. G. Trüper und C. Dahl (2001). "Evidence for two pathways of thiosulfate oxidation in *Starkeya novella* (formerly *Thiobacillus novellus*).¹" Archives of Microbiology **175**(2): 102-111.
- Karas, M. und F. Hillenkamp (1988). "Laser desorption ionization of proteins with molecular masses exceeding 10 000 daltons." Anal Chem **60**(20): 2299-2301.
- Kato, A., H. Tanabe und R. Utsumi (1999). "Molecular characterization of the PhoP-PhoQ two-component system in *Escherichia coli* K-12: identification of extracellular Mg²⁺-responsive promoters." J Bacteriol **181**(17): 5516-5520.
- Kato, J., H.-E. Kim, N. Takiguchi, A. Kuroda und H. Ohtake (2008). "*Pseudomonas aeruginosa* as a model microorganism for investigation of chemotactic behaviors in ecosystem." Journal of Bioscience and Bioengineering **106**(1): 1-7.
- Kawasaki, S., H. Arai, T. Kodama und Y. Igarashi (1997). "Gene cluster for dissimilatory nitrite reductase (*nir*) from *Pseudomonas aeruginosa*: sequencing and identification of a locus for heme *d*₁ biosynthesis." J Bacteriol **179**(1): 235-242.
- Kay, H. H., K. M. Grindle und R. R. Magness (2000). "Ethanol exposure induces oxidative stress and impairs nitric oxide availability in the human placental villi: a possible mechanism of toxicity." Am J Obstet Gynecol **182**(3): 682-688.
- Keller, A., A. I. Nesvizhskii, E. Kolker und R. Aebersold (2002). "Empirical statistical model to estimate the accuracy of peptide identifications made by MS/MS and database search." Anal Chem **74**(20): 5383-5392.
- Kerstens, K. und J. De Ley (1984). Genus *Alcaligenes* Castellani and Chalmers 1919. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology. N. H. J. Krieg, ed. (Williams & Wilkins, Baltimore): 361–373.
- Kim, J., J. H. Chang, E. J. Kim und K. J. Kim (2014). "Crystal structure of (R)-3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase PhaB from *Ralstonia eutropha*." Biochem Biophys Res Commun **443**(3): 783-788.
- Kivirikko, K. I., R. Myllylä und T. Pihlajaniemi (1989). "Protein hydroxylation: prolyl 4-hydroxylase, an enzyme with four cosubstrates and a multifunctional subunit." FASEB J **3**(5): 1609-1617.
- Klose, J. (1975). "Protein mapping by combined isoelectric focusing and electrophoresis of mouse tissues. A novel approach to testing for induced point mutations in mammals." Humangenetik **26**(3): 231-243.
- Kočan, M., S. Schaffer, T. Ishige, U. Sorger-Herrmann, V. F. Wendisch und M. Bott (2006). "Two-component systems of *Corynebacterium glutamicum*: deletion analysis and involvement of the PhoS-PhoR system in the phosphate starvation response." J Bacteriol **188**(2): 724-732.
- Kohlmann, Y., A. Pohlmann, A. Otto, D. Becher, R. Cramm, S. Lütte, E. Schwartz, M. Hecker und B. Friedrich (2011). "Analyses of Soluble and Membrane Proteomes of *Ralstonia eutropha* H16 Reveal Major Changes in the Protein Complement in Adaptation to Lithoautotrophy." J Proteome Res **10**(6): 2767-2776.
- Kohlmann, Y., A. Pohlmann, E. Schwartz, D. Zühlke, A. Otto, D. Albrecht, C. Grimmier, A. Ehrenreich, B. Voigt, D. Becher, M. Hecker, B. Friedrich und R. Cramm (2014). "Coping with Anoxia: A Comprehensive Proteomic and Transcriptomic Survey of Denitrification." J Proteome Res **13**(10): 4325-4338.
- Kolkman, A., P. Daran-Lapujade, A. Fullaondo, M. M. Olsthoorn, J. T. Pronk, M. Slijper und A. J. Heck (2006). "Proteome analysis of yeast response to various nutrient limitations." Mol Syst Biol **2**: 2006 0026.
- Kömen, R., K. Schmidt und B. Friedrich (1992). "Hydrogenase mutants of *Alcaligenes eutrophus* H16 show alterations in the electron transport system." FEMS Microbiol Lett **75**(2-3): 173-178.
- Kömen, R., D. Zannoni, W. J. Ingledew und K. Schmidt (1991a). "The electron transport system of *Alcaligenes eutrophus* H16 I. Spectroscopic and thermodynamic properties." Arch Microbiol **155**(4): 382-390.
- Kömen, R., D. Zannoni und K. Schmidt (1991b). "The electron transport system of *Alcaligenes eutrophus* H16 II. Respiratory activities and effect of specific inhibitors." Archives of Microbiology **155**(5): 436-443.

- König, C., I. Sammler, E. Wilde und H. G. Schlegel (1969). "Konstitutive Glucose-6-phosphat-Dehydrogenase bei Glucose verwertenden Mutanten von einem kryptischen Wildstamm." Arch Mikrobiol **67**(1): 51-57.
- Körner, H., H. J. Sofia und W. G. Zumft (2003). "Phylogeny of the bacterial superfamily of Crp-Fnr transcription regulators: exploiting the metabolic spectrum by controlling alternative gene programs." Fems Microbiology Reviews **27**(5): 559-592.
- Kortlüke, C., K. Horstmann, E. Schwartz, M. Rohde, R. Binsack und B. Friedrich (1992). "A gene complex coding for the membrane-bound hydrogenase of *Alcaligenes eutrophus* H16." J Bacteriol **174**(19): 6277-6289.
- Krassen, H., A. Schwarze, B. Friedrich, K. Ataka, O. Lenz und J. Heberle (2009). "Photosynthetic hydrogen production by a hybrid complex of photosystem I and [NiFe]-hydrogenase." ACS Nano **3**(12): 4055-4061.
- Krauße, D., K. Hunold, B. Kusian, O. Lenz, J. Stülke, B. Bowien und J. Deutscher (2009). "Essential role of the *hprK* gene in *Ralstonia eutropha* H16." J Mol Microbiol Biotechnol **17**(3): 146-152.
- Krell, T., J. Lacal, A. Busch, H. Silva-Jiménez, M. E. Guazzaroni und J. L. Ramos (2010). "Bacterial sensor kinases: diversity in the recognition of environmental signals." Annu Rev Microbiol **64**: 539-559.
- Krieger, R., A. Rompf, M. Schobert und D. Jahn (2002). "The *Pseudomonas aeruginosa* *hemA* promoter is regulated by Anr, Dnr, NarL and Integration Host Factor." Mol Genet Genomics **267**(3): 409-417.
- Kuhn, M., A. Steinbüchel und H. G. Schlegel (1984). "Hydrogen evolution by strictly aerobic hydrogen bacteria under anaerobic conditions." J Bacteriol **159**(2): 633-639.
- Kuo, T. C., T. F. Tian und Y. J. Tseng (2013). "3Omics: a web-based systems biology tool for analysis, integration and visualization of human transcriptomic, proteomic and metabolomic data." BMC Syst Biol **7**: 64.
- Kusian, B., R. Bednarski, M. Husemann und B. Bowien (1995). "Characterization of the Duplicate Ribulose-1,5-Bisphosphate Carboxylase Genes and *cbb* Promoters of *Alcaligenes eutrophus*." Journal of Bacteriology **177**(15): 4442-4450.
- Kusian, B. und B. Bowien (1997). "Organization and regulation of *cbb* CO₂ assimilation genes in autotrophic bacteria." FEMS Microbiol Rev **21**(2): 135-155.
- Kusian, B., A. Näther, V. Halacheva, R. Budinova, A. Dimitrova, S. Peykov, G. Stahlhut, A. Ehrenreich und B. Bowien (2009). "Poster: Regulation of autotrophy and the Entner-Doudoroff pathway in *R. eutropha* H16." ProkaGENOMIC 2009.
- Kyte, J. und R. F. Doolittle (1982). "A simple method for displaying the hydropathic character of a protein." J Mol Biol **157**(1): 105-132.
- Laemmli, U. K. (1970). "Cleavage of Structural Proteins during the Assembly of the Head of Bacteriophage T4." Nature **227**(5259): 680-685.
- Landry, A. P., X. Duan, H. Huang und H. Ding (2011). "Iron-sulfur proteins are the major source of protein-bound dinitrosyl iron complexes formed in *Escherichia coli* cells under nitric oxide stress." Free Radic Biol Med **50**(11): 1582-1590.
- Latterich, M., M. Abramovitz und B. Leyland-Jones (2008). "Proteomics: new technologies and clinical applications." Eur J Cancer **44**(18): 2737-2741.
- Law, C. J., P. C. Maloney und D. N. Wang (2008). "Ins and outs of major facilitator superfamily antiporters." Annu Rev Microbiol **62**: 289-305.
- Lawrence, C. C., W. J. Sobey, R. A. Field, J. E. Baldwin und C. J. Schofield (1996). "Purification and initial characterization of proline 4-hydroxylase from *Streptomyces griseoviridis* P8648: a 2-oxoacid, ferrous-dependent dioxygenase involved in etamycin biosynthesis." Biochem J **313** (Pt 1): 185-191.
- Layer, G., K. Verfürth, E. Mahlitz und D. Jahn (2002). "Oxygen-independent Coproporphyrinogen-III Oxidase HemN from *Escherichia coli*." J Biol Chem **277**(37): 34136-34142.

- Lee, I. Y., M. K. Kim, H. N. Chang und Y. H. Park (1995). "Regulation of poly- β -hydroxybutyrate biosynthesis by nicotinamide nucleotide in *Alcaligenes eutrophus*." *Fems Microbiology Letters* **131**(1): 35-39.
- Lenz, O., M. Bernhard, T. Buhrke, E. Schwartz und B. Friedrich (2002). "The Hydrogen-Sensing Apparatus in *Ralstonia eutropha*." *J Mol Microbiol Biotechnol* **4**(3): 255-262.
- Lenz, O. und B. Friedrich (1998). "A novel multicomponent regulatory system mediates H₂ sensing in *Alcaligenes eutrophus*." *Proc Natl Acad Sci U S A* **95**(21): 12474-12479.
- Lenz, O., M. Ludwig, T. Schubert, I. Bürstel, S. Ganskow, T. Goris, A. Schwarze und B. Friedrich (2010). "H₂ Conversion in the Presence of O₂ as Performed by the Membrane-Bound [NiFe]-Hydrogenase of *Ralstonia eutropha*." *Chemphyschem* **11**(6): 1107-1119.
- Leung, K. Y., B. A. Siame, H. Snowball und Y. K. Mok (2011). "Type VI secretion regulation: crosstalk and intracellular communication." *Curr Opin Microbiol* **14**(1): 9-15.
- Li, H. und J. C. Liao (2014). "A Synthetic Anhydrotetracycline-Controllable Gene Expression System in *Ralstonia eutropha* H16." *ACS Synth Biol*.
- Li, Z., R. Nandakumar, N. Madayiputhiya und X. Li (2012). "Proteomic analysis of 17 β -estradiol degradation by *Stenotrophomonas maltophilia*." *Environ Sci Technol* **46**(11): 5947-5955.
- Lieb, C., R. A. Siddiqui, B. Hippler, D. Jahn und B. Friedrich (1998). "The *Alcaligenes eutrophus* *hemN* gene encoding the oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, is required for heme biosynthesis during anaerobic growth." *Arch Microbiol* **169**(1): 52-60.
- Liebl, W., A. Angelov, J. Juergensen, J. Chow, A. Loeschcke, T. Drepper, T. Classen, J. Pietruzka, A. Ehrenreich, W. R. Streit und K. E. Jaeger (2014). "Alternative hosts for functional (meta)genome analysis." *Appl Microbiol Biotechnol*.
- Ling, J., M. Sahlin, B. M. Sjöberg, T. M. Loehr und J. Sanders-Loehr (1994). "Dioxygen is the source of the μ -oxo bridge in iron ribonucleotide reductase." *J Biol Chem* **269**(8): 5595-5601.
- Liu, H., R. G. Sadygov und J. R. Yates, 3rd (2004). "A Model for Random Sampling and Estimation of Relative Protein Abundance in Shotgun Proteomics." *Anal Chem* **76**(14): 4193-4201.
- Liu, J. D. und J. S. Parkinson (1991). "Genetic evidence for interaction between the CheW and Tsr proteins during chemoreceptor signaling by *Escherichia coli*." *J Bacteriol* **173**(16): 4941-4951.
- Lowe, R. H. und H. J. Evans (1964). "Preparation and Some Properties of a Soluble Nitrate Reductase from *Rhizobium Japonicum*." *Biochim Biophys Acta* **85**: 377-389.
- Lütte, S. (2008). *Untersuchungen zur Genexpression terminaler Oxidasen in R. eutropha H16*. Studienjahresarbeit, Humboldt Universität zu Berlin.
- Lütte, S., A. Pohlmann, E. Zaychikov, E. Schwartz, J. R. Becher, H. Heumann und B. Friedrich (2012). "Autotrophic Production of Stable-Isotope-Labeled Arginine in *Ralstonia eutropha* Strain H16." *Appl Environ Microbiol* **78**(22): 7884-7890.
- Lutz, B. J. und Z. H. Fan (2005). "Hydrogen sensing by enzyme-catalyzed electrochemical detection." *Anal Chem* **77**(15): 4969-4975.
- Maass, S., S. Sievers, D. Zühlke, J. Kuzinski, P. K. Sappa, J. Muntel, B. Hessling, J. Bernhardt, R. Sietmann, U. Völker, M. Hecker und D. Becher (2011). "Efficient, global-scale quantification of absolute protein amounts by integration of targeted mass spectrometry and two-dimensional gel-based proteomics." *Anal Chem* **83**(7): 2677-2684.
- Magasanik, B. (1961). "Catabolite repression." *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* **26**: 249-256.
- Magnowska, Z., I. Hartmann, L. Jansch und D. Jahn (2014). "Membrane proteomics of *Pseudomonas aeruginosa*." *Methods Mol Biol* **1149**: 213-224.
- Marchler-Bauer, A., S. Lu, J. B. Anderson, F. Chitsaz, M. K. Derbyshire, C. DeWeese-Scott, J. H. Fong, L. Y. Geer, R. C. Geer, N. R. Gonzales, M. Gwadz, D. I. Hurwitz, J. D. Jackson, Z. Ke, C. J. Lanczycki, F. Lu, G. H. Marchler, M. Mullokandov, M. V. Omelchenko, C. L. Robertson, J. S. Song, N. Thanki, R. A. Yamashita, D. Zhang, N. Zhang, C. Zheng und S. H. Bryant (2011). "CDD: a Conserved Domain Database for the functional annotation of proteins." *Nucleic Acids Res* **39**(Database issue): D225-229.
- Marchler-Bauer, A., C. Zheng, F. Chitsaz, M. K. Derbyshire, L. Y. Geer, R. C. Geer, N. R. Gonzales, M. Gwadz, D. I. Hurwitz, C. J. Lanczycki, F. Lu, S. Lu, G. H. Marchler, J. S. Song, N. Thanki, R. A.

- Yamashita, D. Zhang und S. H. Bryant (2013). "CDD: conserved domains and protein three-dimensional structure." *Nucleic Acids Res* **41**(Database issue): D348-352.
- Markert, S., C. Arndt, H. Felbeck, D. Becher, S. M. Sievert, M. Hugler, D. Albrecht, J. Robidart, S. Bench, R. A. Feldman, M. Hecker und T. Schweder (2007). "Physiological proteomics of the uncultured endosymbiont of *Riftia pachyptila*." *Science* **315**(5809): 247-250.
- Markert, S., A. Gardebrecht, H. Felbeck, S. M. Sievert, J. Klose, D. Becher, D. Albrecht, A. Thürmer, R. Daniel, M. Kleiner, M. Hecker und T. Schweder (2011). "Status quo in physiological proteomics of the uncultured *Riftia pachyptila* endosymbiont." *Proteomics* **11**(15): 3106-3117.
- Marr, A. G. (1991). "Growth rate of *Escherichia coli*." *Microbiol Rev* **55**(2): 316-333.
- Martin, S. E., J. Shabanowitz, D. F. Hunt und J. A. Marto (2000). "Subfemtomole MS and MS/MS Peptide Sequence Analysis Using Nano-HPLC Micro-ESI Fourier Transform Ion Cyclotron Resonance Mass Spectrometry." *Analytical Chemistry* **72**(18): 4266-4274.
- Martínez-Gómez, K., N. Flores, H. Castañeda, G. Martínez-Batallar, G. Hernández-Chávez, O. Ramírez, G. Gosset, S. Encarnación und F. Bolivar (2012). "New insights into *Escherichia coli* metabolism: carbon scavenging, acetate metabolism and carbon recycling responses during growth on glycerol." *Microb Cell Fact* **11**(1): 46.
- Mason, M. G., M. Shepherd, P. Nicholls, P. S. Dobbin, K. S. Dodsworth, R. K. Poole und C. E. Cooper (2009). "Cytochrome *bd* confers nitric oxide resistance to *Escherichia coli*." *Nat Chem Biol* **5**(2): 94-96.
- Mattick, J. S. (2002). "Type IV pili and twitching motility." *Annu Rev Microbiol* **56**: 289-314.
- Membrillo-Hernández, J., N. Ioannidis und R. K. Poole (1996). "The flavohaemoglobin (HMP) of *Escherichia coli* generates superoxide in vitro and causes oxidative stress in vivo." *FEBS Lett* **382**(1-2): 141-144.
- Mikkat, S., S. Fulda und M. Hagemann (2014). "A 2D gel electrophoresis-based snapshot of the phosphoproteome in the cyanobacterium *Synechocystis* sp. strain PCC 6803." *Microbiology* **160**(Pt 2): 296-306.
- Mills, S. D., C. K. Lim und D. A. Cooksey (1994). "Purification and characterization of CopR, a transcriptional activator protein that binds to a conserved domain (*cop* box) in copper-inducible promoters of *Pseudomonas syringae*." *Molecular & General Genetics* **244**(4): 341-351.
- Mirgorodskaya, O. A., Y. P. Kozmin, M. I. Titov, R. Körner, C. P. Sönksen und P. Roepstorff (2000). "Quantitation of peptides and proteins by matrix-assisted laser desorption/ionization mass spectrometry using ¹⁸O-labeled internal standards." *Rapid Commun Mass Spectrom* **14**(14): 1226-1232.
- Mitrophanov, A. Y. und E. A. Groisman (2008). "Positive feedback in cellular control systems." *Bioessays* **30**(6): 542-555.
- Mitsch, M. J., R. T. Voegelé, A. Cowie, M. Osteras und T. M. Finan (1998). "Chimeric structure of the NAD(P)⁺- and NADP⁺-dependent malic enzymes of *Rhizobium* (*Sinorhizobium*) *meliloti*." *J Biol Chem* **273**(15): 9330-9336.
- Mittler, R. (2002). "Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance." *Trends Plant Sci* **7**(9): 405-410.
- Mitulović, G. und K. Mechtler (2006). "HPLC techniques for proteomics analysis-a short overview of latest developments." *Brief Funct Genomic Proteomic* **5**(4): 249-260.
- Möglich, A., R. A. Ayers und K. Moffat (2009). "Structure and signaling mechanism of Per-ARNT-Sim domains." *Structure* **17**(10): 1282-1294.
- Moir, J. W. und N. J. Wood (2001). "Nitrate and nitrite transport in bacteria." *Cell Mol Life Sci* **58**(2): 215-224.
- Mostertz, J. und M. Hecker (2003). "Patterns of protein carbonylation following oxidative stress in wild-type and *sigB* *Bacillus subtilis* cells." *Mol Genet Genomics* **269**(5): 640-648.
- Mougous, J. D., M. E. Cuff, S. Raunser, A. Shen, M. Zhou, C. A. Gifford, A. L. Goodman, G. Joachimiak, C. L. Ordoñez, S. Lory, T. Walz, A. Joachimiak und J. J. Mekalanos (2006). "A virulence locus of

- Pseudomonas aeruginosa* encodes a protein secretion apparatus." Science **312**(5779): 1526-1530.
- Mousavi, S., S. Ibrahim und M. K. Aroua (2014). "Effects of operational parameters on the treatment of nitrate-rich wastewater by autohydrogenotrophic denitrifying bacteria." Water and Environment Journal: n/a-n/a.
- Mousavi, S., S. Ibrahim, M. K. Aroua und S. Ghafari (2012). "Development of nitrate elimination by autohydrogenotrophic bacteria in bio-electrochemical reactors – A review." Biochemical Engineering Journal **67**(0): 251-264.
- Müller, J., D. Maceachran, H. Burd, N. Sathitsuksanoh, C. Bi, Y. C. Yeh, T. S. Lee, N. J. Hillson, S. R. Chhabra, S. W. Singer und H. R. Beller (2013). "Engineering of *Ralstonia eutropha* H16 for Autotrophic and Heterotrophic Production of Methyl Ketones." Appl Environ Microbiol **79**(14): 4433-4439.
- Muntel, J., V. Fromion, A. Goelzer, S. Maabeta, U. Mäder, K. Büttner, M. Hecker und D. Becher (2014). "Comprehensive absolute quantification of the cytosolic proteome of *Bacillus subtilis* by data independent, parallel fragmentation in liquid chromatography/mass spectrometry (LC/MS(E))." Mol Cell Proteomics **13**(4): 1008-1019.
- Muse, W. B. und R. A. Bender (1998). "The *nac* (nitrogen assimilation control) gene from *Escherichia coli*." J Bacteriol **180**(5): 1166-1173.
- Myllyharju, J. (2003). "Prolyl 4-hydroxylases, the key enzymes of collagen biosynthesis." Matrix Biology **22**(1): 15-24.
- Myllyharju, J. (2013). "Prolyl 4-hydroxylases, master regulators of the hypoxia response." Acta Physiol (Oxf) **208**(2): 148-165.
- Myllykallio, H. und U. Liebl (2000). "Dual role for cytochrome *cbb₃* oxidase in clinically relevant proteobacteria?" Trends Microbiol **8**(12): 542-543.
- Nam, T. W., S. H. Cho, D. Shin, J. H. Kim, J. Y. Jeong, J. H. Lee, J. H. Roe, A. Peterkofsky, S. O. Kang, S. Ryu und Y. J. Seok (2001). "The *Escherichia coli* glucose transporter enzyme IICB^{Glc} recruits the global repressor Mlc." EMBO J **20**(3): 491-498.
- Neilson, K. A., N. A. Ali, S. Muralidharan, M. Mirzaei, M. Mariani, G. Assadourian, A. Lee, S. C. van Sluyter und P. A. Haynes (2011). "Less label, more free: approaches in label-free quantitative mass spectrometry." Proteomics **11**(4): 535-553.
- Nesvizhskii, A. I. und R. Aebersold (2005). "Interpretation of shotgun proteomic data: the protein inference problem." Mol Cell Proteomics **4**(10): 1419-1440.
- Nicke, T., T. Schnitzer, K. Münch, J. Adamczack, K. Haufschildt, S. Buchmeier, M. Kucklick, U. Felgenträger, L. Jänsch, K. Riedel und G. Layer (2013). "Maturation of the cytochrome *cd₁* nitrite reductase NirS from *Pseudomonas aeruginosa* requires transient interactions between the three proteins NirS, NirN and NirF." Biosci Rep **33**(3).
- Nishijyo, T., D. Haas und Y. Itoh (2001). "The CbrA-CbrB two-component regulatory system controls the utilization of multiple carbon and nitrogen sources in *Pseudomonas aeruginosa*." Mol Microbiol **40**(4): 917-931.
- O'Farrell, P. H. (1975). "High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins." J Biol Chem **250**(10): 4007-4021.
- Obruca, S., P. Benesova, J. Oborna und I. Marova (2014). "Application of protease-hydrolyzed whey as a complex nitrogen source to increase poly(3-hydroxybutyrate) production from oils by *Cupriavidus necator*." Biotechnology Letters **36**(4): 775-781.
- Oh, J. I. und B. Bowien (1999). "Dual control by regulatory gene *fdsR* of the *fds* operon encoding the NAD⁺-linked formate dehydrogenase of *Ralstonia eutropha*." Mol Microbiol **34**(2): 365-376.
- Oh, J. I., I. J. Ko und S. Kaplan (2004). "Reconstitution of the *Rhodobacter sphaeroides* *cbb₃*-PrrBA signal transduction pathway in vitro." Biochemistry **43**(24): 7915-7923.
- Ohtsubo, Y., H. Goto, Y. Nagata, T. Kudo und M. Tsuda (2006). "Identification of a response regulator gene for catabolite control from a PCB-degrading β -proteobacteria, *Acidovorax* sp. KKS102." Mol Microbiol **60**(6): 1563-1575.

- Oliveira, B. M., J. R. Coorsen und D. Martins-de-Souza (2014). "2DE: the phoenix of proteomics." J Proteomics **104**: 140-150.
- Ostrovsky de Spicer, P. und S. Maloy (1993). "PutA protein, a membrane-associated flavin dehydrogenase, acts as a redox-dependent transcriptional regulator." Proc Natl Acad Sci U S A **90**(9): 4295-4298.
- Ostrovsky de Spicer, P., K. O'Brien und S. Maloy (1991). "Regulation of proline utilization in *Salmonella typhimurium*: a membrane-associated dehydrogenase binds DNA in vitro." J Bacteriol **173**(1): 211-219.
- Otten, M. F., D. M. Stork, W. N. Reijnders, H. V. Westerhoff und R. J. Van Spanning (2001). "Regulation of expression of terminal oxidases in *Paracoccus denitrificans*." Eur J Biochem **268**(8): 2486-2497.
- Otto, A., D. Becher und F. Schmidt (2014). "Quantitative proteomics in the field of microbiology." Proteomics **14**(4-5): 547-565.
- Otto, A., J. Bernhardt, M. Hecker und D. Becher (2012). "Global relative and absolute quantitation in microbial proteomics." Curr Opin Microbiol **15**(3): 364-372.
- Packer, L., E. H. Witt und H. J. Tritschler (1995). "alpha-Lipoic acid as a biological antioxidant." Free Radic Biol Med **19**(2): 227-250.
- Palacios, J. M., H. Manyani, M. Martínez, A. C. Ureta, B. Brito, E. Báscones, L. Rey, J. Imperial und T. Ruiz-Argüeso (2005). "Genetics and biotechnology of the H₂-uptake [NiFe] hydrogenase from *Rhizobium leguminosarum* bv. viciae, a legume endosymbiotic bacterium." Biochem Soc Trans **33**(Pt 1): 94-96.
- Pan, C., G. Kora, W. H. McDonald, D. L. Tabb, N. C. VerBerkmoes, G. B. Hurst, D. A. Pelletier, N. F. Samatova und R. L. Hettich (2006). "ProRata: A Quantitative Proteomics Program for Accurate Protein Abundance Ratio Estimation with Confidence Interval Evaluation." Anal Chem **78**(20): 7121-7131.
- Pang, J. X., N. Ginanni, A. R. Dongre, S. A. Hefta und G. J. Opiteck (2002). "Biomarker Discovery in Urine by Proteomics." Journal of Proteome Research **1**(2): 161-169.
- Park, J. Y. und Y. J. Yoo (2009). "Biological nitrate removal in industrial wastewater treatment: which electron donor we can choose." Appl Microbiol Biotechnol **82**(3): 415-429.
- Park, S. J. und R. P. Gunsalus (1995). "Oxygen, iron, carbon, and superoxide control of the fumarase *fumA* and *fumC* genes of *Escherichia coli*: role of the *arcA*, *fnr*, and *soxR* gene products." J Bacteriol **177**(21): 6255-6262.
- Parkinson, J. S. (1993). "Signal transduction schemes of bacteria." Cell **73**(5): 857-871.
- Pauleta, S. R., S. Dell'Acqua und I. Moura (2013). "Nitrous oxide reductase." Coordination Chemistry Reviews **257**(2): 332-349.
- Pávková, I., M. Hubálek, J. Zechovská, J. Lenčo und J. Stulík (2005). "*Francisella tularensis* live vaccine strain: proteomic analysis of membrane proteins enriched fraction." Proteomics **5**(9): 2460-2467.
- Pedrinelli, R., G. Dell'Omo, V. Di Bello, G. Pellegrini, L. Pucci, S. Del Prato und G. Penno (2004). "Low-grade inflammation and microalbuminuria in hypertension." Arterioscler Thromb Vasc Biol **24**(12): 2414-2419.
- Peng, J., J. E. Elias, C. C. Thoreen, L. J. Licklider und S. P. Gygi (2003). "Evaluation of multidimensional chromatography coupled with tandem mass spectrometry (LC/LC-MS/MS) for large-scale protein analysis: the yeast proteome." J Proteome Res **2**(1): 43-50.
- Peoples, O. P. und A. J. Sinskey (1989). "Poly- β -hydroxybutyrate biosynthesis in *Alcaligenes eutrophus* H16. Characterization of the genes encoding β -ketothiolase and acetoacetyl-CoA reductase." J Biol Chem **264**(26): 15293-15297.
- Peplinski, K., A. Ehrenreich, C. Döring, M. Bömeke, F. Reinecke, C. Hutmacher und A. Steinbüchel (2010). "Genome-wide transcriptome analyses of the 'Knallgas' bacterium *Ralstonia eutropha* H16 with regard to polyhydroxyalkanoate metabolism." Microbiology **156**(Pt 7): 2136-2152.
- Petersson, L., A. Gräslund, A. Ehrenberg, B. M. Sjöberg und P. Reichard (1980). "The iron center in ribonucleotide reductase from *Escherichia coli*." J Biol Chem **255**(14): 6706-6712.

- Pfeiffer, D. und D. Jendrossek (2014). "PhaM is the physiological activator of poly(3-hydroxybutyrate) (PHB) synthase (PhaC1) in *Ralstonia eutropha*." *Appl Environ Microbiol* **80**(2): 555-563.
- Pfennig, N. (1974). "*Rhodopseudomonas globiformis*, sp. n., a New species of the Rhodospirillaceae." *Arch Microbiol* **100**(1): 197-206.
- Pfützner, J. und H. G. Schlegel (1973). "Denitrifikation bei *Hydrogenomonas eutropha* Stamm H 16." *Arch Mikrobiol* **90**(3): 199-211.
- Philippot, L., P. Mirleau, S. Mazurier, S. Siblot, A. Hartmann, P. Lemanceau und J. C. Germon (2001). "Characterization and transcriptional analysis of *Pseudomonas fluorescens* denitrifying clusters containing the *nar*, *nir*, *nor* and *nos* genes." *Biochim Biophys Acta* **1517**(3): 436-440.
- Phukon, P., M. Phukan, S. Phukan und B. Konwar (2014). "Polyhydroxyalkanoate production by indigenously isolated *Pseudomonas aeruginosa* using glycerol by-product of KCDL biodiesel as an inexpensive carbon source." *Annals of Microbiology*: 1-8.
- Pieper, R., S. T. Huang, J. M. Robinson, D. J. Clark, H. Alami, P. P. Parmar, R. D. Perry, R. D. Fleischmann und S. N. Peterson (2009). "Temperature and growth phase influence the outer-membrane proteome and the expression of a type VI secretion system in *Yersinia pestis*." *Microbiology* **155**(Pt 2): 498-512.
- Piersma, S. R., M. O. Warmoes, M. de Wit, I. de Reus, J. C. Knol und C. R. Jiménez (2013). "Whole gel processing procedure for GeLC-MS/MS based proteomics." *Proteome Sci* **11**(1): 17.
- Ping, L., H. Zhang, L. Zhai, E. B. Dammer, D. M. Duong, N. Li, Z. Yan, J. Wu und P. Xu (2013). "Quantitative proteomics reveals significant changes in cell shape and an energy shift after IPTG induction via an optimized SILAC approach for *Escherichia coli*." *J Proteome Res* **12**(12): 5978-5988.
- Plumbridge, J. (1995). "Co-ordinated regulation of amino sugar biosynthesis and degradation: the NagC repressor acts as both an activator and a repressor for the transcription of the *glmUS* operon and requires two separated NagC binding sites." *EMBO J* **14**(16): 3958-3965.
- Pohlmann, A., R. Cramm, K. Schmelz und B. Friedrich (2000). "A novel NO-responding regulator controls the reduction of nitric oxide in *Ralstonia eutropha*." *Mol Microbiol* **38**(3): 626-638.
- Pohlmann, A., W. F. Fricke, F. Reinecke, B. Kusian, H. Liesegang, R. Cramm, T. Eitinger, C. Ewering, M. Pötter, E. Schwartz, A. Strittmatter, I. Voß, G. Gottschalk, A. Steinbüchel, B. Friedrich und B. Bowien (2006). "Genome sequence of the bioplastic-producing "Knallgas" bacterium *Ralstonia eutropha* H16." *Nat Biotechnol* **24**(10): 1257-1262.
- Ponting, C. P. und L. Aravind (1997). "PAS: a multifunctional domain family comes to light." *Curr Biol* **7**(11): R674-677.
- Poole, R. K. und M. N. Hughes (2000). "New functions for the ancient globin family: bacterial responses to nitric oxide and nitrosative stress." *Mol Microbiol* **36**(4): 775-783.
- Poole, R. K., N. Ioannidis und Y. Oori (1996). "Reactions of the *Escherichia coli* flavohaemoglobin (Hmp) with NADH and near-micromolar oxygen: oxygen affinity of NADH oxidase activity." *Microbiology* **142**(5): 1141-1148.
- Poole, R. K., N. J. Rogers, R. A. M. D'mello, M. N. Hughes und Y. Oori (1997). "*Escherichia coli* flavohaemoglobin (Hmp) reduces cytochrome c and Fe(III)-hydroxamate K by electron transfer from NADH via FAD: sensitivity of oxidoreductase activity to haem-bound dioxygen." *Microbiology* **143**(5): 1557-1565.
- Potter, L., H. Angove, D. Richardson und J. Cole (2001). "Nitrate reduction in the periplasm of gram-negative bacteria." *Adv Microb Physiol* **45**: 51-112.
- Pötter, M., H. Müller, F. Reinecke, R. Wieczorek, F. Fricke, B. Bowien, B. Friedrich und A. Steinbüchel (2004). "The complex structure of polyhydroxybutyrate (PHB) granules: four orthologous and paralogous phasins occur in *Ralstonia eutropha*." *Microbiology* **150**(Pt 7): 2301-2311.
- Preisig, O., D. Anthamatten und H. Hennecke (1993). "Genes for a microaerobically induced oxidase complex in *Bradyrhizobium japonicum* are essential for a nitrogen-fixing endosymbiosis." *Proc Natl Acad Sci U S A* **90**(8): 3309-3313.

- Preisig, O., R. Zufferey, L. Thöny-Meyer, C. A. Appleby und H. Hennecke (1996). "A high-affinity *cbb₃*-type cytochrome oxidase terminates the symbiosis-specific respiratory chain of *Bradyrhizobium japonicum*." *J Bacteriol* **178**(6): 1532-1538.
- Price, M. N., K. H. Huang, E. J. Alm und A. P. Arkin (2005). "A novel method for accurate operon predictions in all sequenced prokaryotes." *Nucleic Acids Res* **33**(3): 880-892.
- Pries, A., H. Priefert, N. Krüger und A. Steinbüchel (1991). "Identification and characterization of two *Alcaligenes eutrophus* gene loci relevant to the Poly(β -hydroxybutyric acid)-leaky phenotype which exhibit homology to *ptsH* and *ptsI* of *Escherichia coli*." *J Bacteriol* **173**(18): 5843-5853.
- Probst, I. und H. G. Schlegel (1976). "Respiratory components and oxidase activities in *Alcaligenes eutrophus*." *Biochim Biophys Acta* **440**(2): 412-428.
- Probst, I., G. Wolf und H. G. Schlegel (1979). "An oxygen-binding flavohemoprotein from *Alcaligenes eutrophus*." *Biochim Biophys Acta* **576**(2): 471-478.
- Pukatzki, S., A. T. Ma, D. Sturtevant, B. Krastins, D. Sarracino, W. C. Nelson, J. F. Heidelberg und J. J. Mekalanos (2006). "Identification of a conserved bacterial protein secretion system in *Vibrio cholerae* using the *Dictyostelium* host model system." *Proc Natl Acad Sci U S A* **103**(5): 1528-1533.
- Pukatzki, S., S. B. McAuley und S. T. Miyata (2009). "The type VI secretion system: translocation of effectors and effector-domains." *Curr Opin Microbiol* **12**(1): 11-17.
- Qiao, J., S. Huang, R. Te, J. Wang, L. Chen und W. Zhang (2013). "Integrated proteomic and transcriptomic analysis reveals novel genes and regulatory mechanisms involved in salt stress responses in *Synechocystis* sp. PCC 6803." *Appl Microbiol Biotechnol* **97**(18): 8253-8264.
- Raberg, M., C. Kaddor, B. Kusian, G. Stahlhut, R. Budinova, N. Kolev, B. Bowien und A. Steinbüchel (2012). "Impact of each individual component of the mutated PTS(Nag) on glucose uptake and phosphorylation in *Ralstonia eutropha* G(+)-1." *Appl Microbiol Biotechnol* **95**(3): 735-744.
- Raberg, M., K. Peplinski, S. Heiss, A. Ehrenreich, B. Voigt, C. Döring, M. Bömeke, M. Hecker und A. Steinbüchel (2011). "Proteomic and transcriptomic elucidation of the mutant *Ralstonia eutropha* G⁺1 with regard to glucose utilization." *Appl Environ Microbiol* **77**(6): 2058-2070.
- Raberg, M., F. Reinecke, R. Reichelt, U. Malkus, S. König, M. Pötter, W. F. Fricke, A. Pohlmann, B. Voigt, M. Hecker, B. Friedrich, B. Bowien und A. Steinbüchel (2008). "*Ralstonia eutropha* H16 flagellation changes according to nutrient supply and state of poly(3-hydroxybutyrate) accumulation." *Appl Environ Microbiol* **74**(14): 4477-4490.
- Rabilloud, T. (2009). "Membrane proteins and proteomics: love is possible, but so difficult." *Electrophoresis* **30 Suppl 1**: S174-180.
- Radu, V., S. Frielingsdorf, S. D. Evans, O. Lenz und L. J. Jeuken (2014). "Enhanced Oxygen-Tolerance of the Full Heterotrimeric Membrane-Bound [NiFe]-Hydrogenase of *Ralstonia eutropha*." *J Am Chem Soc* **136**(24): 8512-8515.
- Rasmussen, T., B. C. Berks, J. Sanders-Loehr, D. M. Dooley, W. G. Zumft und A. J. Thomson (2000). "The catalytic center in nitrous oxide reductase, Cu₂, is a copper-sulfide cluster." *Biochemistry* **39**(42): 12753-12756.
- Rathore, P. S. (2014). "Bioprospects of PHB: A Review." *2014* **1**(04).
- Rebbapragada, A., M. S. Johnson, G. P. Harding, A. J. Zuccarelli, H. M. Fletcher, I. B. Zhulin und B. L. Taylor (1997). "The Aer protein and the serine chemoreceptor Tsr independently sense intracellular energy levels and transduce oxygen, redox, and energy signals for *Escherichia coli* behavior." *Proc Natl Acad Sci U S A* **94**(20): 10541-10546.
- Reddy, C. S., R. Ghai, Rashmi und V. C. Kalia (2003). "Polyhydroxyalkanoates: an overview." *Bioresour Technol* **87**(2): 137-146.
- Rees, E., R. A. Siddiqui, F. Köster, B. Schneider und B. Friedrich (1997). "Structural gene (*nirS*) for the cytochrome *cd₁* nitrite reductase of *Alcaligenes eutrophus* H16." *Appl Environ Microbiol* **63**(2): 800-802.
- Reichard, P. (1993). "From RNA to DNA, why so many ribonucleotide reductases?" *Science* **260**(5115): 1773-1777.

- Reinecke, F. und A. Steinbüchel (2009). "*Ralstonia eutropha* strain H16 as model organism for PHA metabolism and for biotechnological production of technically interesting biopolymers." J Mol Microbiol Biotechnol **16**(1-2): 91-108.
- Rinaldo, S., G. Giardina, M. Brunori und F. Cutruzzolà (2006). "N-oxide sensing and denitrification: the DNR transcription factors." Biochem Soc Trans **34**(Pt 1): 185-187.
- Rittenberg, S. C. und N. S. Goodman (1969). "Mixotrophic growth of *Hydrogenomonas eutropha*." J Bacteriol **98**(2): 617-622.
- Rodionov, D. A., A. A. Mironov und M. S. Gelfand (2001). "Transcriptional regulation of pentose utilisation systems in the *Bacillus/Clostridium* group of bacteria." FEMS Microbiol Lett **205**(2): 305-314.
- Roepstorff, P. und J. Fohlman (1984). "Proposal for a common nomenclature for sequence ions in mass spectra of peptides." Biomed Mass Spectrom **11**(11): 601.
- Rogowska-Wrzesinska, A., M.-C. Le Bihan, M. Thaysen-Andersen und P. Roepstorff (2013). "2D gels still have a niche in proteomics." Journal of Proteomics **88**(0): 4-13.
- Romano, A. H. und T. Conway (1996). "Evolution of carbohydrate metabolic pathways." Res Microbiol **147**(6-7): 448-455.
- Römermann, D. und B. Friedrich (1985). "Denitrification by *Alcaligenes eutrophus* is plasmid dependent." J Bacteriol **162**(2): 852-854.
- Römermann, D., M. Lohmeyer, C. G. Friedrich und B. Friedrich (1988). "Pleiotropic mutants from *Alcaligenes eutrophus* defective in the metabolism of hydrogen, nitrate, urea, and fumarate." Archives of Microbiology **149**(5): 471-475.
- Römermann, D., J. Warrelmann, R. A. Bender und B. Friedrich (1989). "An *rpoN*-like gene of *Alcaligenes eutrophus* and *Pseudomonas facilis* controls expression of diverse metabolic pathways, including hydrogen oxidation." J Bacteriol **171**(2): 1093-1099.
- Rosenfeld, J., J. Capdevielle, J. C. Guillemot und P. Ferrara (1992). "In-gel digestion of proteins for internal sequence analysis after one- or two-dimensional gel electrophoresis." Anal Biochem **203**(1): 173-179.
- Saier, M. H., Jr. (2006). "Protein secretion and membrane insertion systems in gram-negative bacteria." J Membr Biol **214**(2): 75-90.
- Sambrook, J., E. F. Fritsch und T. Maniatis (1989). "Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd edition." Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York.
- Sanders, D. A., B. L. Gillece-Castro, A. M. Stock, A. L. Burlingame und D. E. Koshland, Jr. (1989). "Identification of the site of phosphorylation of the chemotaxis response regulator protein, CheY." J Biol Chem **264**(36): 21770-21778.
- Sanger, F., S. Nicklen und A. R. Coulson (1977). "DNA sequencing with chain-terminating inhibitors." Proc Natl Acad Sci U S A **74**(12): 5463-5467.
- Santoni, V., M. Molloy und T. Rabilloud (2000). "Membrane proteins and proteomics: un amour impossible?" Electrophoresis **21**(6): 1054-1070.
- Sauer, U., F. Canonaco, S. Heri, A. Perrenoud und E. Fischer (2004). "The soluble and membrane-bound transhydrogenases UdhA and PntAB have divergent functions in NADPH metabolism of *Escherichia coli*." J Biol Chem **279**(8): 6613-6619.
- Sauer, U. und B. J. Eikmanns (2005). "The PEP-pyruvate-oxaloacetate node as the switch point for carbon flux distribution in bacteria." FEMS Microbiol Rev **29**(4): 765-794.
- Schäfer, C., B. Friedrich und O. Lenz (2013). "Novel, oxygen-insensitive group 5 [NiFe]-hydrogenase in *Ralstonia eutropha*." Appl Environ Microbiol **79**(17): 5137-5145.
- Schell, M. A., R. L. Ulrich, W. J. Ribot, E. E. Brueggemann, H. B. Hines, D. Chen, L. Lipscomb, H. S. Kim, J. Mrázek, W. C. Nierman und D. Deshazer (2007). "Type VI secretion is a major virulence determinant in *Burkholderia mallei*." Mol Microbiol **64**(6): 1466-1485.
- Scheurwater, E., C. W. Reid und A. J. Clarke (2008). "Lytic transglycosylases: bacterial space-making autolysins." Int J Biochem Cell Biol **40**(4): 586-591.

- Schiefner, A., K. Gerber, S. Seitz, W. Welte, K. Diederichs und W. Boos (2005). "The crystal structure of Mlc, a global regulator of sugar metabolism in *Escherichia coli*." *J Biol Chem* **280**(32): 29073-29079.
- Schink, B. und H. G. Schlegel (1979). "The membrane-bound hydrogenase of *Alcaligenes eutrophus*. I. Solubilization, purification, and biochemical properties." *Biochim Biophys Acta* **567**(2): 315-324.
- Schlegel, H. G., G. Gottschalk und R. Von Barth (1961a). "Formation and utilization of poly- β -hydroxybutyric acid by Knallgas bacteria (*Hydrogenomonas*)." *Nature* **191**: 463-465.
- Schlegel, H. G., H. Kaltwasser und G. Gottschalk (1961b). "Ein Submersverfahren Zur Kultur Wasserstoffoxydierender Bakterien: Wachstumsphysiologische Untersuchungen." *Archiv Fur Mikrobiologie* **38**(3): 209-&.
- Schlesier, M. und B. Friedrich (1982a). "Effect of molecular hydrogen on histidine utilization by *Alcaligenes eutrophus*." *Archives of Microbiology* **132**(3): 260-265.
- Schlesier, M. und B. Friedrich (1982b). "Histidine utilization by *Alcaligenes eutrophus*: Regulation of histidase formation under heterotrophic conditions of growth." *Archives of Microbiology* **132**(3): 254-259.
- Schneider, B. (1989). *Denitrifikationsgene auf dem Megaplasmid pHG1 von *Alcaligenes eutrophus**. Doktor, Freie Universität Berlin.
- Schneider, K. und H. G. Schlegel (1976). "Purification and properties of soluble hydrogenase from *Alcaligenes eutrophus* H 16." *Biochim Biophys Acta* **452**(1): 66-80.
- Schneider, T., B. Gerrits, R. Gassmann, E. Schmid, M. O. Gessner, A. Richter, T. Battin, L. Eberl und K. Riedel (2010). "Proteome analysis of fungal and bacterial involvement in leaf litter decomposition." *Proteomics* **10**(9): 1819-1830.
- Schobert, P. und B. Bowien (1984). "Unusual C₃ and C₄ metabolism in the chemoautotroph *Alcaligenes eutrophus*." *J Bacteriol* **159**(1): 167-172.
- Schreiber, K., R. Krieger, B. Benkert, M. Eschbach, H. Arai, M. Schobert und D. Jahn (2007). "The anaerobic regulatory network required for *Pseudomonas aeruginosa* nitrate respiration." *J Bacteriol* **189**(11): 4310-4314.
- Schubert, P., N. Krüger und A. Steinbüchel (1991). "Molecular analysis of the *Alcaligenes eutrophus* poly(3-hydroxybutyrate) biosynthetic operon: identification of the N terminus of poly(3-hydroxybutyrate) synthase and identification of the promoter." *J Bacteriol* **173**(1): 168-175.
- Schubert, T., O. Lenz, E. Krause, R. Volkmer und B. Friedrich (2007). "Chaperones specific for the membrane-bound [NiFe]-hydrogenase interact with the Tat signal peptide of the small subunit precursor in *Ralstonia eutropha* H16." *Mol Microbiol* **66**(2): 453-467.
- Schwartz, E., J. Fritsch und B. Friedrich (2013). H₂-Metabolizing Prokaryotes. *The Prokaryotes*. E. Rosenberg, E. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt und F. Thompson, Springer Berlin Heidelberg: 119-199.
- Schwartz, E., U. Gerischer und B. Friedrich (1998). "Transcriptional regulation of *Alcaligenes eutrophus* hydrogenase genes." *J Bacteriol* **180**(12): 3197-3204.
- Schwartz, E., A. Henne, R. Cramm, T. Eitinger, B. Friedrich und G. Gottschalk (2003). "Complete nucleotide sequence of pHG1: a *Ralstonia eutropha* H16 megaplasmid encoding key enzymes of H₂-based lithoautotrophy and anaerobiosis." *J Mol Biol* **332**(2): 369-383.
- Schwartz, E., B. Voigt, D. Zühlke, A. Pohlmann, O. Lenz, D. Albrecht, A. Schwarze, Y. Kohlmann, C. Krause, M. Hecker und B. Friedrich (2009). "A Proteomic View of the Facultatively Chemolithoautotrophic Lifestyle of *Ralstonia eutropha* H16." *Proteomics* **9**(22): 5132-5142.
- Schwarz, S., R. D. Hood und J. D. Mougous (2010). "What is type VI secretion doing in all those bugs?" *Trends in Microbiology* **18**(12): 531-537.
- Schweizer, H. und T. J. Larson (1987). "Cloning and characterization of the aerobic sn-glycerol-3-phosphate dehydrogenase structural gene *glpD* of *Escherichia coli* K-12." *J Bacteriol* **169**(2): 507-513.
- Scott, M., C. W. Gunderson, E. M. Mateescu, Z. Zhang und T. Hwa (2010). "Interdependence of cell growth and gene expression: origins and consequences." *Science* **330**(6007): 1099-1102.

- Senior, P. J. und E. A. Dawes (1971). "Poly- β -hydroxybutyrate biosynthesis and the regulation of glucose metabolism in *Azotobacter beijerinckii*." *Biochem J* **125**(1): 55-66.
- Senior, P. J. und E. A. Dawes (1973). "The Regulation of Poly- β -hydroxybutyrate Metabolism in *Azotobacter beijerinckii*." *Biochem J* **134**(1): 225-238.
- Shalom, G., J. G. Shaw und M. S. Thomas (2007). "In vivo expression technology identifies a type VI secretion system locus in *Burkholderia pseudomallei* that is induced upon invasion of macrophages." *Microbiology* **153**(8): 2689-2699.
- Shevchenko, A., M. Wilm, O. Vorm und M. Mann (1996). "Mass spectrometric sequencing of proteins silver-stained polyacrylamide gels." *Anal Chem* **68**(5): 850-858.
- Siddiqui, R. A., U. Warnecke-Eberz, A. Hengsberger, B. Schneider, S. Kostka und B. Friedrich (1993). "Structure and function of a periplasmic nitrate reductase in *Alcaligenes eutrophus* H16." *J Bacteriol* **175**(18): 5867-5876.
- Siedow, A., R. Cramm, R. A. Siddiqui und B. Friedrich (1999). "A megaplasmid-borne anaerobic ribonucleotide reductase in *Alcaligenes eutrophus* H16." *J Bacteriol* **181**(16): 4919-4928.
- Silverman, J. M., Y. R. Brunet, E. Cascales und J. D. Mougous (2012). "Structure and regulation of the type VI secretion system." *Annu Rev Microbiol* **66**: 453-472.
- Simon, O., I. Klaiber, A. Huber und J. Pfannstiel (2014). "Comprehensive proteome analysis of the response of *Pseudomonas putida* KT2440 to the flavor compound vanillin." *J Proteomics* **109C**: 212-227.
- Simon, R., U. Priefer und A. Pühler (1983). "A Broad Host Range Mobilization System for In Vivo Genetic Engineering: Transposon Mutagenesis in Gram Negative Bacteria." *Nat Biotech* **1**(9): 784-791.
- Smith, A. J., J. London und R. Y. Stanier (1967). "Biochemical basis of obligate autotrophy in blue-green algae and thiobacilli." *J Bacteriol* **94**(4): 972-983.
- Smith, M. A., M. Finel, V. Korolik und G. L. Mendz (2000). "Characteristics of the aerobic respiratory chains of the microaerophiles *Campylobacter jejuni* and *Helicobacter pylori*." *Arch Microbiol* **174**(1-2): 1-10.
- Snoep, J. L., M. R. de Graef, A. H. Westphal, A. de Kok, M. J. Teixeira de Mattos und O. M. Neijssel (1993). "Differences in sensitivity to NADH of purified pyruvate dehydrogenase complexes of *Enterococcus faecalis*, *Lactococcus lactis*, *Azotobacter vinelandii* and *Escherichia coli*: implications for their activity in vivo." *FEMS Microbiol Lett* **114**(3): 279-283.
- Sonnhammer, E. L., G. von Heijne und A. Krogh (1998). "A hidden Markov model for predicting transmembrane helices in protein sequences." *Proc Int Conf Intell Syst Mol Biol* **6**: 175-182.
- Sparacino-Watkins, C., J. F. Stolz und P. Basu (2014). "Nitrate and periplasmic nitrate reductases." *Chem Soc Rev* **43**(2): 676-706.
- Spreitzer, R. J. und M. E. Salvucci (2002). "Rubisco: structure, regulatory interactions, and possibilities for a better enzyme." *Annu Rev Plant Biol* **53**: 449-475.
- Steen, H. und M. Mann (2004). "The ABC's (and XYZ's) of peptide sequencing." *Nat Rev Mol Cell Biol* **5**(9): 699-711.
- Steinbüchel, A. (1983). *Untersuchungen zur Physiologie und Biochemie des Gärungsstoffwechsels in Alcaligenes eutrophus* Dissertation, Universität Göttingen.
- Steinbüchel, A. (1992). "Biodegradable plastics." *Current Opinion in Biotechnology* **3**(3): 291-297.
- Steinbüchel, A. und B. Fuchtenbusch (1998). "Bacterial and other biological systems for polyester production." *Trends Biotechnol* **16**(10): 419-427.
- Steinbüchel, A., M. Kuhn, M. Niedrig und H. G. Schlegel (1983). "Fermentation Enzymes in Strictly Aerobic Bacteria: Comparative Studies on Strains of the Genus *Alcaligenes* and on *Nocardia opaca* and *Xanthobacter autotrophicus*." *Journal of General Microbiology* **129**(9): 2825-2835.
- Steinbüchel, A. und T. Lütke-Eversloh (2003). "Metabolic engineering and pathway construction for biotechnological production of relevant polyhydroxyalkanoates in microorganisms." *Biochemical Engineering Journal* **16**(2): 81-96.
- Steinbüchel, A. und H. Schlegel (1989). "Excretion of pyruvate by mutants of *Alcaligenes eutrophus*, which are impaired in the accumulation of poly(β -hydroxybutyric acid) (PHB), under

- conditions permitting synthesis of PHB." Applied Microbiology and Biotechnology **31**(2): 168-175.
- Steinbüchel, A. und H. G. Schlegel (1983a). "NAD-linked L(+)-lactate dehydrogenase from the strict aerobic *Alcaligenes eutrophus*. 1. Purification and properties." Eur J Biochem **130**(2): 321-328.
- Steinbüchel, A. und H. G. Schlegel (1983b). "NAD-linked L(+)-lactate dehydrogenase from the strict aerobic *Alcaligenes eutrophus*. 2. Kinetic properties and inhibition by Oxaloacetate." Eur J Biochem **130**(2): 329-334.
- Steinbüchel, A. und H. G. Schlegel (1984). "A multifunctional fermentative alcohol dehydrogenase from the strict aerobic *Alcaligenes eutrophus*: purification and properties." Eur J Biochem **141**(3): 555-564.
- Stewart, V. (1994). "Regulation of nitrate and nitrite reductase synthesis in enterobacteria." Antonie Van Leeuwenhoek **66**(1-3): 37-45.
- Strube, K., S. de Vries und R. Cramm (2007). "Formation of a dinitrosyl iron complex by NorA, a nitric oxide-binding di-iron protein from *Ralstonia eutropha* H16." J Biol Chem **282**(28): 20292-20300.
- Sudesh, K., H. Abe und Y. Doi (2000). "Synthesis, structure and properties of polyhydroxyalkanoates: biological polyesters." Progress in Polymer Science **25**(10): 1503-1555.
- Sze, C. C. und V. Shingler (1999). "The alarmone (p)ppGpp mediates physiological-responsive control at the σ^{54} -dependent Po promoter." Mol Microbiol **31**(4): 1217-1228.
- Sznajder, A. und D. Jendrosseck (2014). "To Be or Not To Be a Poly(3-Hydroxybutyrate) (PHB) Depolymerase: PhaZd1 (PhaZ6) and PhaZd2 (PhaZ7) of *Ralstonia eutropha*, Highly Active PHB Depolymerases with No Detectable Role in Mobilization of Accumulated PHB." Appl Environ Microbiol **80**(16): 4936-4946.
- Tabb, D. L., W. H. McDonald und J. R. Yates, 3rd (2002). "DTASelect and Contrast: tools for assembling and comparing protein identifications from shotgun proteomics." J Proteome Res **1**(1): 21-26.
- Taboada, B., R. Ciria, C. E. Martinez-Guerrero und E. Merino (2012). "ProOpDB: Prokaryotic Operon DataBase." Nucleic Acids Res **40**(Database issue): D627-631.
- Tamagnini, P., R. Axelsson, P. Lindberg, F. Oxelfelt, R. Wünschiers und P. Lindblad (2002). "Hydrogenases and hydrogen metabolism of cyanobacteria." Microbiol Mol Biol Rev **66**(1): 1-20, table of contents.
- Tanadchangsang, N. und J. Yu (2012). "Microbial synthesis of polyhydroxybutyrate from glycerol: gluconeogenesis, molecular weight and material properties of biopolyester." Biotechnol Bioeng **109**(11): 2808-2818.
- Tanaka, K., H. Waki, Y. Ido, S. Akita, Y. Yoshida, T. Yoshida und T. Matsuo (1988). "Protein and polymer analyses up to m/z 100 000 by laser ionization time-of-flight mass spectrometry." Rapid Communications in Mass Spectrometry **2**(8): 151-153.
- Tanca, A., M. Deligios, M. F. Addis und S. Uzzau (2013). "High throughput genomic and proteomic technologies in the fight against infectious diseases." J Infect Dev Ctries **7**(3): 182-190.
- Tang, Y., J. R. Guest, P. J. Artymiuk, R. C. Read und J. Green (2004). "Post-transcriptional regulation of bacterial motility by aconitase proteins." Mol Microbiol **51**(6): 1817-1826.
- Tavares, L. Z., E. S. da Silva und J. G. da Cruz Pradella (2004). "Production of poly(3-hydroxybutyrate) in an airlift bioreactor by *Ralstonia eutropha*." Biochemical Engineering Journal **18**(1): 21-31.
- Taylor, B. L. (2007). "Aer on the inside looking out: paradigm for a PAS-HAMP role in sensing oxygen, redox and energy." Mol Microbiol **65**(6): 1415-1424.
- Taylor, B. L. und I. B. Zhulin (1999). "PAS domains: internal sensors of oxygen, redox potential, and light." Microbiol Mol Biol Rev **63**(2): 479-506.
- Thauer, R. K., K. Jungermann und K. Decker (1977). "Energy conservation in chemotrophic anaerobic bacteria." Bacteriol Rev **41**(1): 100-180.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins und T. J. Gibson (1994). "CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice." Nucleic Acids Res **22**(22): 4673-4680.

- Thöny-Meyer, L. (2002). "Cytochrome *c* maturation: a complex pathway for a simple task?" Biochem Soc Trans **30**(4): 633-638.
- Tiemeyer, A., H. Link und D. Weuster-Botz (2007). "Kinetic studies on autohydrogenotrophic growth of *Ralstonia eutropha* with nitrate as terminal electron acceptor." Appl Microbiol Biotechnol **76**(1): 75-81.
- Titgemeyer, F., J. Reizer, A. Reizer und M. H. Saier, Jr. (1994). "Evolutionary relationships between sugar kinases and transcriptional repressors in bacteria." Microbiology **140** (Pt 9): 2349-2354.
- Torrents, E., P. Aloy, I. Gibert und F. Rodríguez-Trelles (2002). "Ribonucleotide reductases: divergent evolution of an ancient enzyme." J Mol Evol **55**(2): 138-152.
- Torres, J., V. Darley-Usmar und M. T. Wilson (1995). "Inhibition of cytochrome *c* oxidase in turnover by nitric oxide: mechanism and implications for control of respiration." Biochem J **312** (Pt 1): 169-173.
- Trauchesse, M., M. Jaquinod, A. Bonvalot, V. Brun, C. Bruley, D. Ropers, H. De Jong, J. Garin, G. Bestel-Corre und M. Ferro (2014). "Mass spectrometry-based workflow for accurate quantification of *Escherichia coli* enzymes: how proteomics can play a key role in metabolic engineering." Mol Cell Proteomics **13**(4): 954-968.
- Trumpower, B. L. und R. B. Gennis (1994). "Energy transduction by cytochrome complexes in mitochondrial and bacterial respiration: the enzymology of coupling electron transfer reactions to transmembrane proton translocation." Annu Rev Biochem **63**: 675-716.
- Trüper, H. G. (1965). "Tricarboxylic acid cycle and related enzymes in *Hydrogenomonas* strain H16G⁺ grown on various carbon sources." Biochim Biophys Acta **111**(2): 565-568.
- Uchino, K., T. Saito, B. Gebauer und D. Jendrossek (2007). "Isolated poly(3-hydroxybutyrate) (PHB) granules are complex bacterial organelles catalyzing formation of PHB from acetyl coenzyme A (CoA) and degradation of PHB to acetyl-CoA." J Bacteriol **189**(22): 8250-8256.
- Unden, G., S. Achebach, G. Holighaus, H. G. Tran, B. Wackwitz und Y. Zeuner (2002). "Control of FNR function of *Escherichia coli* by O₂ and reducing conditions." J Mol Microbiol Biotechnol **4**(3): 263-268.
- Ushimaru, K., Y. Motoda, K. Numata und T. Tsuge (2014). "Phasin proteins activate *Aeromonas caviae* polyhydroxyalkanoate (PHA) synthase but not *Ralstonia eutropha* PHA synthase." Appl Environ Microbiol **80**(9): 2867-2873.
- Van Alst, N. E., K. F. Picardo, B. H. Iglewski und C. G. Haidaris (2007). "Nitrate sensing and metabolism modulate motility, biofilm formation, and virulence in *Pseudomonas aeruginosa*." Infect Immun **75**(8): 3780-3790.
- Van Riper, S. K., E. P. de Jong, J. V. Carlis und T. J. Griffin (2013). "Mass spectrometry-based proteomics: basic principles and emerging technologies and directions." Adv Exp Med Biol **990**: 1-35.
- Vandamme, P. und T. Coenye (2004). "Taxonomy of the genus *Cupriavidus*: a tale of lost and found." Int J Syst Evol Microbiol **54**(Pt 6): 2285-2289.
- Vanechoutte, M., P. Kämpfer, T. De Baere, E. Falsen und G. Verschraegen (2004). "*Wautersia* gen. nov., a novel genus accommodating the phylogenetic lineage including *Ralstonia eutropha* and related species, and proposal of *Ralstonia* [*Pseudomonas*] *syzygii* (Roberts *et al.* 1990) comb. nov." Int J Syst Evol Microbiol **54**(Pt 2): 317-327.
- VerBerkmoes, N. C., H. M. Connelly, C. Pan und R. L. Hettich (2004). "Mass spectrometric approaches for characterizing bacterial proteomes." Expert Rev Proteomics **1**(4): 433-447.
- Vignais, P. M. und B. Billoud (2007). "Occurrence, classification, and biological function of hydrogenases: an overview." Chem Rev **107**(10): 4206-4272.
- Vincent, K. A., J. A. Cracknell, O. Lenz, I. Zebger, B. Friedrich und F. A. Armstrong (2005). "Electrocatalytic hydrogen oxidation by an enzyme at high carbon monoxide or oxygen levels." Proc Natl Acad Sci U S A **102**(47): 16951-16954.
- Voegele, R. T., G. D. Sweet und W. Boos (1993). "Glycerol kinase of *Escherichia coli* is activated by interaction with the glycerol facilitator." J Bacteriol **175**(4): 1087-1094.

- Vogel, C. und E. M. Marcotte (2012). "Label-free protein quantitation using weighted spectral counting." *Methods Mol Biol* **893**: 321-341.
- Voigt, B., R. Schroeter, T. Schweder, B. Jürgen, D. Albrecht, J. M. Dijn, K. H. Maurer und M. Hecker (2014). "A proteomic view of cell physiology of the industrial workhorse *Bacillus licheniformis*." *J Biotechnol*.
- Vollack, K. U., E. Härtig, H. Körner und W. G. Zumft (1999). "Multiple transcription factors of the FNR family in denitrifying *Pseudomonas stutzeri*: characterization of four *fnr*-like genes, regulatory responses and cognate metabolic processes." *Mol Microbiol* **31**(6): 1681-1694.
- Vollbrecht, D., H. G. Schlegel, G. Stoschek und A. Janczikowski (1979). "Excretion of metabolites by hydrogen bacteria. IV. Respiration rate-dependent formation of primary metabolites and of poly-3-hydroxybutanoate." *Eur J Appl Microbiol* **7**: 267-276.
- Voss, I. und A. Steinbüchel (2006). "Application of a KDPG-aldolase gene-dependent addiction system for enhanced production of cyanophycin in *Ralstonia eutropha* strain H16." *Metab Eng* **8**(1): 66-78.
- Vranakis, I., I. Goniou, A. Psaroulaki, V. Sandalakis, Y. Tselentis, K. Gevaert und G. Tsiotis (2014). "Proteome studies of bacterial antibiotic resistance mechanisms." *J Proteomics* **97**: 88-99.
- Wait, A. F., A. Parkin, G. M. Morley, L. dos Santos und F. A. Armstrong (2010). "Characteristics of Enzyme-Based Hydrogen Fuel Cells Using an Oxygen-Tolerant Hydrogenase as the Anodic Catalyst." *The Journal of Physical Chemistry C* **114**(27): 12003-12009.
- Walker, J. E. (2013). "The ATP synthase: the understood, the uncertain and the unknown." *Biochem Soc Trans* **41**(1): 1-16.
- Wan, X. F., N. C. Verberkmoes, L. A. McCue, D. Stanek, H. Connelly, L. J. Hauser, L. Wu, X. Liu, T. Yan, A. Leapheart, R. L. Hettich, J. Zhou und D. K. Thompson (2004). "Transcriptomic and proteomic characterization of the Fur regulon in the metal-reducing bacterium *Shewanella oneidensis*." *J Bacteriol* **186**(24): 8385-8400.
- Wang, Y., R. Chen, J. Cai, Z. Liu, Y. Zheng, H. Wang, Q. Li und N. He (2013). "Biosynthesis and thermal properties of PHBV produced from levulinic acid by *Ralstonia eutropha*." *PLoS One* **8**(4): e60318.
- Wang, Z. X., C. O. Brämer und A. Steinbüchel (2003). "The glyoxylate bypass of *Ralstonia eutropha*." *FEMS Microbiol Lett* **228**(1): 63-71.
- Warnecke-Eberz, U. und B. Friedrich (1993). "Three nitrate reductase activities in *Alcaligenes eutrophus*." *Archives of Microbiology* **159**(5): 405-409.
- Warner, J. B. und J. S. Lolkema (2003). "CcpA-dependent carbon catabolite repression in bacteria." *Microbiol Mol Biol Rev* **67**(4): 475-490.
- Warrelmann, J., M. Eitinger, E. Schwartz, D. Römermann und B. Friedrich (1992). "Nucleotide sequence of the *rpoN* (*hno*) gene region of *Alcaligenes eutrophus*: evidence for a conserved gene cluster." *Arch Microbiol* **158**(2): 107-114.
- Washburn, M. P., D. Wolters und J. R. Yates, 3rd (2001). "Large-scale analysis of the yeast proteome by multidimensional protein identification technology." *Nat Biotechnol* **19**(3): 242-247.
- Welker, M. (2011). "Proteomics for routine identification of microorganisms." *Proteomics* **11**(15): 3143-3153.
- Wieczorek, R., A. Pries, A. Steinbüchel und F. Mayer (1995). "Analysis of a 24-kilodalton protein associated with the polyhydroxyalkanoic acid granules in *Alcaligenes eutrophus*." *J Bacteriol* **177**(9): 2425-2435.
- Wilde, E. (1962). "Untersuchungen über Wachstum und Speicherstoffsynthese von *Hydrogenomonas*." *Arch Mikrobiol* **43**: 109-137.
- Williams, H. D., J. E. Zlosnik und B. Ryall (2007). "Oxygen, Cyanide and Energy Generation in the Cystic Fibrosis Pathogen *Pseudomonas aeruginosa*." *Adv Microb Physiol* **52**: 1-71.
- Williams, T. J. und R. Cavicchioli (2014). "Marine metaproteomics: deciphering the microbial metabolic food web." *Trends Microbiol* **22**(5): 248-260.
- Wilmes, A., A. Limonciel, L. Aschauer, K. Moenks, C. Bielow, M. O. Leonard, J. Hamon, D. Carpi, S. Ruzek, A. Handler, O. Schmal, K. Herrgen, P. Bellwon, C. Burek, G. L. Truissi, P. Hewitt, E. Di

- Consiglio, E. Testai, B. J. Blaauboer, C. Guillou, C. G. Huber, A. Lukas, W. Pfaller, S. O. Mueller, F. Y. Bois, W. Dekant und P. Jennings (2013). "Application of integrated transcriptomic, proteomic and metabolomic profiling for the delineation of mechanisms of drug induced cell stress." J Proteomics **79**: 180-194.
- Wink, D. A. und J. B. Mitchell (1998). "Chemical biology of nitric oxide: Insights into regulatory, cytotoxic, and cytoprotective mechanisms of nitric oxide." Free Radic Biol Med **25**(4-5): 434-456.
- Wojdyla, K., A. Rogowska-Wrzesinska, K. Wrzesinski und P. Roepstorff (2011). "Mass spectrometry based approach for identification and characterisation of fluorescent proteins from marine organisms." J Proteomics **75**(1): 44-55.
- Wojtkiewicz, M., K. Barnett und P. Ciborowski (2014). Protein Identification by Mass Spectrometry: Proteomics. Current Laboratory Methods in Neuroscience Research. H. Xiong und H. E. Gendelman, Springer New York: 399-409.
- Wolff, S., H. Hahne, M. Hecker und D. Becher (2008). "Complementary analysis of the vegetative membrane proteome of the human pathogen *Staphylococcus aureus*." Mol Cell Proteomics **7**(8): 1460-1468.
- Wood, N. J., T. Alizadeh, D. J. Richardson, S. J. Ferguson und J. W. Moir (2002). "Two domains of a dual-function NarK protein are required for nitrate uptake, the first step of denitrification in *Paracoccus pantotrophus*." Mol Microbiol **44**(1): 157-170.
- Wu, G., H. Corker, Y. Orie und R. K. Poole (2004). "*Escherichia coli* Hmp, an "oxygen-binding flavohaemoprotein", produces superoxide anion and self-destructs." Arch Microbiol **182**(2-3): 193-203.
- Wu, M., T. Guina, M. Brittnacher, H. Nguyen, J. Eng und S. I. Miller (2005). "The *Pseudomonas aeruginosa* proteome during anaerobic growth." J Bacteriol **187**(23): 8185-8190.
- Wu, Q., Y. Wang und G. Q. Chen (2009). "Medical application of microbial biopolyesters polyhydroxyalkanoates." Artif Cells Blood Substit Immobil Biotechnol **37**(1): 1-12.
- Wunsch, P., M. Herb, H. Wieland, U. M. Schiek und W. G. Zumft (2003). "Requirements for Cu_A and Cu-S center assembly of nitrous oxide reductase deduced from complete periplasmic enzyme maturation in the nondenitrifier *Pseudomonas putida*." J Bacteriol **185**(3): 887-896.
- Wunsch, P. und W. G. Zumft (2005). "Functional domains of NosR, a novel transmembrane iron-sulfur flavoprotein necessary for nitrous oxide respiration." J Bacteriol **187**(6): 1992-2001.
- Yabuuchi, E., Y. Kosako, I. Yano, H. Hotta und Y. Nishiuchi (1995). "Transfer of two *Burkholderia* and an *Alcaligenes* species to *Ralstonia* gen. Nov.: Proposal of *Ralstonia pickettii* (Ralston, Palleroni and Doudoroff 1973) comb. Nov., *Ralstonia solanacearum* (Smith 1896) comb. Nov. and *Ralstonia eutropha* (Davis 1969) comb. Nov." Microbiol Immunol **39**(11): 897-904.
- Yanisch-Perron, C., J. Vieira und J. Messing (1985). "Improved M13 phage cloning vectors and host strains: nucleotide sequences of the M13mp18 and pUC19 vectors." Gene **33**(1): 103-119.
- Yao, X., A. Freas, J. Ramirez, P. A. Demirev und C. Fenselau (2001). "Proteolytic ¹⁸O labeling for comparative proteomics: model studies with two serotypes of adenovirus." Anal Chem **73**(13): 2836-2842.
- Zhang, B., N. C. VerBerkmoes, M. A. Langston, E. Uberbacher, R. L. Hettich und N. F. Samatova (2006). "Detecting differential and correlated protein expression in label-free shotgun proteomics." J Proteome Res **5**(11): 2909-2918.
- Zhang, D., L. Ren, J. H. Yue, L. Wang, L. H. Zhuo und X. H. Shen (2013). "A comprehensive analysis of flowering transition in *Agapanthus praecox* ssp. *orientalis* (Leighton) Leighton by using transcriptomic and proteomic techniques." J Proteomics **80C**: 1-25.
- Zhou, H., J. A. Ranish, J. D. Watts und R. Aebersold (2002). "Quantitative proteome analysis by solid-phase isotope tagging and mass spectrometry." Nat Biotechnol **20**(5): 512-515.
- Zhu, C., S. Chiu, J. P. Nakas und C. T. Nomura (2013). "Bioplastics from waste glycerol derived from biodiesel industry." Journal of Applied Polymer Science **130**(1): 1-13.

- Zhu, C., C. T. Nomura, J. A. Perrotta, A. J. Stipanovic und J. P. Nakas (2010). "Production and characterization of poly-3-hydroxybutyrate from biodiesel-glycerol by *Burkholderia cepacia* ATCC 17759." Biotechnol Prog **26**(2): 424-430.
- Zhulin, I. B., B. L. Taylor und R. Dixon (1997). "PAS domain S-boxes in Archaea, Bacteria and sensors for oxygen and redox." Trends Biochem Sci **22**(9): 331-333.
- Zumft, W. G. (1997). "Cell biology and molecular basis of denitrification." Microbiol Mol Biol Rev **61**(4): 533-616.
- Zumft, W. G. (2002). "Nitric oxide signaling and NO dependent transcriptional control in bacterial denitrification by members of the FNR-CRP regulator family." J Mol Microbiol Biotechnol **4**(3): 277-286.
- Zumft, W. G. (2005). "Biogenesis of the bacterial respiratory Cu_A, Cu-S enzyme nitrous oxide reductase." J Mol Microbiol Biotechnol **10**(2-4): 154-166.
- Zumft, W. G., A. Dreusch, S. Löchelt, H. Cuyper, B. Friedrich und B. Schneider (1992). "Derived amino acid sequences of the *nosZ* gene (respiratory N₂O reductase) from *Alcaligenes eutrophus*, *Pseudomonas aeruginosa* and *Pseudomonas stutzeri* reveal potential copper-binding residues. Implications for the Cu_A site of N₂O reductase and cytochrome-c oxidase." Eur J Biochem **208**(1): 31-40.
- Zumft, W. G. und P. M. Kroneck (2007). "Respiratory transformation of nitrous oxide (N₂O) to dinitrogen by *Bacteria* and *Archaea*." Adv Microb Physiol **52**: 107-227.
- Zumft, W. G., A. Viebrock und H. Körner (1988). Biochemical and physiological aspects of denitrification. The nitrogen and sulphur cycles. Forty-second symposium of the society for general microbiology held at the University of Southampton, January 1988. J. Cole und S. Ferguson. Cambridge, Cambridge University Press: 245-279.
- Zybailov, B., M. K. Coleman, L. Florens und M. P. Washburn (2005). "Correlation of relative abundance ratios derived from peptide ion chromatograms and spectrum counting for quantitative proteomic analysis using stable isotope labeling." Anal Chem **77**(19): 6218-6224.